

EP 00/02005.



REC'D 10 MAY 2000
WIPO EPO ECT

25. 04. 2000

4

(51)

Bescheinigung

Die SCHERING Aktiengesellschaft in Berlin/Deutschland hat eine Patentanmeldung unter der Bezeichnung

"Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus Endothelzellen"

am 9. März 1999 beim Deutschen Patent- und Markenamt eingereicht.

Das angeheftete Stück ist eine richtige und genaue Wiedergabe der ursprünglichen Unterlage dieser Patentanmeldung.

Die Anmeldung hat im Deutschen Patent- und Markenamt vorläufig die Symbole C 12 N und C 07 K der Internationalen Patentklassifikation erhalten.

München, den 30. März 2000

Deutsches Patent- und Markenamt

Der Präsident

Im Auftrag

Aktenzeichen: 199 11 684.9

Joost

**PRIORITY
DOCUMENT**
SUBMITTED OR TRANSMITTED IN
COMPLIANCE WITH RULE 17.1(a) OR (b)



Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus Endothelzellen

Die Erfindung betrifft Nukleinsäure-Sequenzen -mRNA, cDNA, genomische Sequenzen- aus Gewebe menschlicher Endothelzellen, die für Genprodukte oder
5 Teile davon kodieren und deren Verwendung. Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

Angiogenese ist ein Prozeß, der im adulten Lebewesen bei den zyklischen Prozessen der Reproduktion in der Frau, bei der Wundheilung und in verschiedenen
10 pathologischen Situationen zu beobachten ist, wie z. B. Tumorwachstum, rheumatische Erkrankungen, Endometriose, bei der Kollateralenbildung im Herzen und in der Peripherie, etc.

Persistente Angiogenese kann die Ursache für verschiedene Erkrankungen wie
15 Psoriasis, Arthritis, wie rheumatoide Arthritis, Hämangioma, Angiofibroma, Augenerkrankungen, wie diabetische Retinopathie, Neovaskulares Glaukom, Nierenerkrankungen, wie Glomerulonephritis, diabetische Nephropatie, maligne Nephrosklerose, thrombotische mikroangiopatische Syndrome, Transplantationsabstoßungen und Glomerulopathie, fibrotische Erkrankungen, wie
20 Leberzirrhose, mesangialzellproliferative Erkrankungen und Artherosklerose sein oder zu einer Verschlimmerung dieser Erkrankungen führen.

Gelänge es, Angiogenese zu induzieren oder zu hemmen, so würden sich mehrere Erkrankungen grundlegend therapieren lassen. Hierzu müßte man die Gene bzw.
25 die für die Angiogenese relevanten Nukleinsäure-Sequenzen kennen. Bisher ist nicht bekannt, welche Gene bzw. Nukleinsäure-Sequenzen oder Teile davon angiogeneserelevant sind.

Es konnten nun Nukleinsäure-Sequenzen gefunden werden, die
30 angiogeneserelevant sind.

Diese Sequenzen sind entweder bisher nicht beschrieben worden oder sie sind nur als Nukleinsäure-Sequenzen aus Nagern bekannt, jedoch ohne Hinweis auf Angiogenese. Weitere Sequenzen sind als humane Gene oder Teile davon

beschrieben, jedoch nicht in bezug auf mögliche angiogeneserelevante Eigenschaften.

Zur Suche nach angiogeneserelevanten Genen wurden Endothelzellen aus Vorhäuten adulter Personen gewonnen, die auf zweierlei Arten kultiviert wurden:

a) auf einer Rattenschwanzkollagenmatrix in subkonfluenter Dichte

und

b) auf einem Gel aus extrazellulärer Matrix (Matrigel).

Unter Kulturform a) bilden die Zellen die klassischen kopfsteinpflasterartigen Monolayer.

Unter Kulturform b) bilden die Zellen netzartige Strukturen mit röhrenförmigen Gebilden.

Die Zellkulturform a) stellt einen frühen Angiogenesezustand mit vornehmlich proliferativem Phänotyp dar.

Die Zellkulturform b) stellt ein Modell für eine spätere Phase der Angiogenese dar, bei der die Differenzierung der Endothelzellen zu einer Bildung von schlauchförmigen Strukturen führt. Diese Strukturen sind eine Voraussetzung für einen Blutfluß, der von der Gewebsfläche separiert ist.

Aus beiden Zellkulturformen wird mRNA isoliert, in cDNA transkribiert, und mit einer Restriktionsendonuklease in Fragmente der Größe von 200 bis 1500 bp geschnitten. Mittels einer subtraktiven PCR-Technik wurden die differentiell vorkommenden Fragmente beider Zustände amplifiziert. Sie wurden in Vektoren eingebaut und kloniert. Die Klone wurden zunächst sequenziert und anschließend wurden ihre Sequenzen mit bioinformatischen Techniken komplettiert.

Mit Hilfe einer quantitativen, in der Literatur beschriebenen PCR-Technik (Pilarsky et al., 1998, s. Versuchsbeschreibung) wurde zunächst untersucht, ob die Gene in den beiden Kulturständen differentiell exprimiert sind. Zur Normierung wurde die Expression des 23 kDalton Proteins (s. Versuchsbeschreibung) als interner Marker verwendet. In der differentiellen Expression traten Verhältnisse von 2-7 fach auf.

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 gefunden werden, die als Kandidatengene bei der Angiogenese eine Rolle spielen.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq ID Nos. 1 bis Seq. ID No. 59

b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

oder

c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

Die Erfindung betrifft weiterhin Nukleinsäure-Sequenzen gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos. 1 bis Seq. ID No. 59 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59, die in Endothelzellgewebe erhöht exprimiert sind

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 hybridisieren.

5

~~Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine~~
Länge von mindestens 50 bis 3000 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 2800 bp, besonders bevorzugt eine Länge von 150 bis 2600 bp auf.

10

Mit den erfindungsgemäßen Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder
15 antisense Orientierung eingefügt sein.

In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

20

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, ϕ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia),
2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene),
25 pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt,
30 lambda P_R, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

5 Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

10

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

15

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Sequenzen enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

20

Die die Nukleinsäure-Sequenzen enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

25

Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie *E. coli* oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

30

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren. Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, die von den erfinderischen Teilsequenzen exprimiert werden.

5

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den Polypeptiden aufweisen.

10

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

15

Die von den erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen kodierten Polypeptide können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen bei angiogenen Erkrankungen verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

20

Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen angiogenetische Erkrankungen verwendet werden können.

25

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der von den erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 exprimierten Polypeptide als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung angiogener Erkrankungen, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung angiogener Erkrankungen.

30

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäuren bzw. die über diese Nukleinsäuren exprimierten Proteine können somit entweder alleine oder in Formulierung als Arzneimittel zur Behandlung von Psoriasis, Arthritis, wie rheumatoide Arthritis, Hämangioma, Angiofibroma, Augenerkrankungen, wie diabetische Retinopathie,

Neovaskuläres Glaukom, Nierenerkrankungen, wie Glomerulonephritis, diabetische Nephropathie, maligne Nephrosklerose, thrombotische mikroangiopathische Syndrome, Transplantationsabstoßungen und Glomerulopathie, fibrotische Erkrankungen, wie Leberzirrhose, mesangialzellproliferative Erkrankungen, Arteriosklerose und Verletzungen des Nervengewebes zum Einsatz kommen.

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptidsequenz enthalten, die von den erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 exprimiert werden.

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/oder Enhancern.

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden.

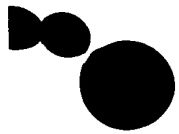
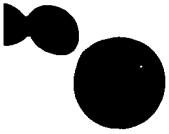
Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

Nukleinsäuren= Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, volllänge cDNA und genomische Gene (Chromosomen).

5

~~ORF = Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren,~~
die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.



Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

5

Beispiel 1

1. Suche nach angiogeneserelevanten Kandidatengen

10

1.1 Verwendete Zellen

Primäre, humane, mikrovaskuläre Endothelzellen (MVEC) wurden aus menschlichen Vorhäuten präpariert und mittels biotinyliertem anti CD31 (PECAM) Antikörper selektioniert (Referenz).

15

Kulturbedingungen: 37°C, 5%CO₂

Medium: M199, 10% FCS, 10% Humanserum, 6µg/ml ECGF, 1mM Natriumpyruvat, 3 U/ml Heparin, 100 U/ml Penicilin, 100µg/ml Streptomycin, 1x nicht essentielle Aminosäuren

20

1.2 Kultivierung und RNA-Präparation

Für die Kulturform a) werden die Zellen auf mit Collagen I beschichtetem Plastik kultiviert. Für die Kulturform b) werden die Zellen auf einem Gel aus extrazellulären Matrixproteinen ausgebracht. Das dazu verwendete Matrigel (Becton Dickinson) wurde 1 zu 1 mit M199 Medium verdünnt, in der Kälte in das verwendete Kulturgefäß gegossen (60µl/cm²) und bei 37°C für 30 min. geliert. Anschließend wurden die Zellen ausgebracht.

25

Für Kulturform a) und b) wurden MVEC in einer Dichte von 2x10⁴/cm² ausgebracht und für 7h bei 37°C, 5% CO₂ inkubiert.

30

Die Gesamt-RNA-Präparation wurde nach der Guanidinium Thiocyanat Methode mit anschließender Zentrifugation durch ein Caesiumchlorid-Kissen durchgeführt

(Sambrook J., Fritsch E. F., and Maniatis T.; 1989, Molecular Cloning: A Laboratory Manual, Cold Spring Harbour Laboratory Press).

Die polyA⁺ RNA-Selektion wurde über oligo(dT)-Zellulosesäulen (mRNA Purification Kit, Pharmacia Biotech) durchgeführt.

5

1.3 Erstellen von subtraktiven cDNA-Banken

Die Subtraktion wurde nach der Methode von Diatchenko et al. (Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A., 1996 Jun 11, 93:6025-30) mit Hilfe des PCR-Select cDNA Subtraction Kit durchgeführt.

Die polyA⁺ RNA, die die Zielsequenzen enthält, wird als Tester, die davon abzuziehende polyA⁺ RNA als Driver bezeichnet.

Es wurden 2 Subtraktionen durchgeführt, wobei einmal die polyA⁺ RNA der Kulturform a) und einmal die polyA⁺ RNA der Kulturform b) als Tester diente. Die folgende Versuchsbeschreibung stellt exemplarisch nur eine Subtraktion dar.

1.4 Synthese von doppelsträngiger cDNA (ds cDNA)

Sowohl für den Tester als auch für den Driver wird eine doppelsträngige cDNA-Synthese durchgeführt.

1. Strang-Synthese

Die Strangsynthese wird mit folgendem Ansatz durchgeführt:

polyA ⁺ RNA	2µg
cDNA-Synthese Primer(10µM)	1µl
Wasser	add 5µl

Die Reaktionen werden für 2 min. bei 70°C und anschließend 2 min auf Eis inkubiert.

Zu jeder Reaktion wurde folgendes zugegeben:

	5x First-strand buffer (250mM Tris-HCL, pH8, 330mM Mg-Chlorid, 375mM KCl)	2µl
	10mM dNTP	1µl
5	Wasser	1µl
	MMLV reverse transcriptase (200 U/µl)	1µl

Die Reaktionen wurden für 90 Minuten bei 42°C und anschließend für 2 Minuten auf Eis inkubiert.

2. Strang-Synthese

Die 2. Strang-Synthese wurde mit folgendem Ansatz durchgeführt:

	1. Strang-Synthese	10µl
15	Wasser	48,4µl
	5x Second-strand buffer(500mM KCL, 50mM Ammoniumsulfat, 25mM Mg-Chlorid, 0,75mM β-NAD, 100mM Tris-HCL, pH7,5, 0,25mg/ml BSA)	16µl
	10mM dNTP	1,6µl
20	20x Second-strand enzyme cocktail (DNA Polymerase 1 6U/µl Rnase H 0,2U/µl, <i>E. coli</i> DNA Ligase 1,2U/µl)	4µl

Die Reaktionen wurden für 2h bei 16°C inkubiert.

Zu jeder Reaktion wurde T4 DNA Polymerase wie folgt zugegeben:

25	T4 DNA Polymerase 3U/µl	2µl
----	-------------------------	-----

Die Reaktionen wurden für 30 min bei 16°C inkubiert.

Die Reaktionen wurden mit EDTA abgestoppt, wobei die Lösung folgende Zusammensetzung aufweist:

30	20x EDTA/Glykogen Mix (200mM EDTA, 1mg/ml Glykogen)	4µl
----	---	-----

Es wurde für jede Reaktion eine Phenol/Chloroform-Extraktion und eine Ethanol-Präzipitation durchgeführt. Die Pellets wurden in je 50µl Wasser resuspendiert.

5 1.5 Rsa I-Verdau der ds cDNA

Sowohl für den Tester als auch für den Driver wurde ein Rsa I-Verdau durchgeführt. Hierzu wurden folgende Lösungen verwendet:

10	ds cDNA	43,5µl
	10x Rsa I Restriktionspuffer (100mM Bis Tris Propan-HCl, pH7,0, 100mM Mg-Clorid, 1mM DTT)	5µl
	Rsa I (10U/µl)	1,5µl

- 15 Die Reaktionen wurden für 90 min bei 37°C inkubiert.
Die Reaktionen wurden anschließend mit EDTA abgestoppt, wobei die Lösung folgende Zusammensetzung aufweist:

20	20x EDTA/Glykogen Mix (200mM EDTA 1mg/ml Glykogen)	2,5µl
----	--	-------

Anschließend wurde für jede Reaktion eine Phenol/Chloroform-Extraktion und eine Ethanol-Präzipitation durchgeführt. Die hierbei entstehenden Pellets wurden in je 5,5µl Wasser für die weitere Verarbeitung resuspendiert.

25

1.6 Adaptor-Ligation an Rsa I verdaute ds Tester cDNA

Die Tester-cDNA wurde in 2 Fraktionen aufgeteilt. An jede Tester-Fraktion wurde ein Adapter ligiert. Die Konzentrationen der verwendeten Substanzen für die beiden Tester sind im einzelnen in der nachfolgenden Tabelle aufgeführt.

30

	<u>Tester-1</u>	<u>Tester-2</u>
Tester-cDNA	0,1µl	0,1µl
5x Ligationspuffer (250mM Tris-HCl, pH7,8 50mM MgCl ₂	2µl	2µl
10mM DTT 0,25mg/ml BSA)		
T4 DNA Ligase (400U/µl)	1µl	1µl
Adaptor 1 (10µM)	2µl	--
Adaptor 2 (10µM)	--	2µl
H ₂ O	4,9µl	4,9µl
Gesamtvolumen	10µl	10µl

Die Reaktionen wurden über Nacht bei 16°C inkubiert und anschließend mit EDTA abgestoppt (20x EDTA/Glykogen Mix, 1µl (200mM EDTA, 1mg/ml Glykogen)).

- 5 Die Reaktionen wurden für 5 min bei 72°C inkubiert.

1.7 Subtraktive Hybridisierungen

10

Die Driver und Tester wurden anschließend miteinander in zwei Schritten hybridisiert.

Hybridisierung

15

Die erste Hybridisierung wurde für die beiden Reaktionen mit den in der folgenden Tabelle aufgeführten Lösungen und Verbindungen durchgeführt.

	Reaktion 1	Reaktion 2
Rsa I verdaute Driver cDNA	1,5µl	1,5µl
Adaptor 1 ligierter Tester 1	1,5µl	--
Adaptor 2 ligierter Tester 2	--	1,5µl
4x Hybridisierungspuffer	1µl	1µl
Gesamtvolumen	4µl	4µl

Die Reaktionen wurden für 90 sek bei 98°C und anschließend direkt für 8h bei 68°C inkubiert.

1. Hybridisierung:

Für die 2. Hybridisierung wurden Reaktion 1 und 2 gemischt und frisch denaturierter Driver wie folgt zugegeben:

10

Driver	1µl
4x Hybridisierungspuffer	1µl
Wasser	2µl

1µl dieser Mischung wurde für 90 sek bei 98°C inkubiert und anschließend möglichst schnell mit Reaktion 1 und Reaktion 2 fusioniert.

Die 2. Hybridisierung wurde bei 68°C über Nacht inkubiert. Anschließend wurden zur 2. Hybridisierung 200µl Verdünnungspuffer (20mM HEPES-HCl (pH8,3), 50mM NaCl, 0,2mM EDTA (pH8,0)) zugegeben. Danach wurde die 2. Hybridisierung für 7 min bei 68°C inkubiert. Der so hergestellte Ansatz wurde dann für die PCR eingesetzt.

20

Differentiell exprimierte Fragmente in den subtrahierten cDNA Pools wurden über zwei aufeinanderfolgende PCRs selektiv amplifiziert.

Die 1. PCR wurde mit folgendem Ansatz durchgeführt:

25

	10x PCR-Puffer (400mM Tricine-KOH, pH9,2, 150mM KOAc, 35mM MG(OAc) ₂ , 37,5µg/ml BSA)	2,5µl
	10mM dNTP	0,5µl
	PCR Primer 1 (10µM)	1µl
5	50x Advantage cDNA Polymerase	0,5µl
	verdünnte 2. Hybridisierung	1µl
	Wasser	19,5µl

	Das PCR-Programm wurde wie folgt durchgeführt:	75°C, 5 min
10	Schleife	94°C, 30 sek
		66°C, 30 sek
		72°C, 90 sek

Insgesamt wurden 27 Zyklen durchgeführt.

15

Die zweite PCR wurde mit folgendem Ansatz durchgeführt:

	10x PCR-Puffer	2,5µl
	10mM dNTP	0,5µl
20	nested PCR-Primer 1 (10µM)	1µl
	nested PCR Primer 2R (10µM)	1µl
	50x Advantage cDNA Polymerase	0,5µl
	PCR Produkt	0,1µl
	H ₂ O	19,4µl

25

	Das PCR-Programm wurde wie folgt durchgeführt:	94°C, 30 sek
		68°C, 30 sek
		72°C, 90 sek

Insgesamt wurden 12 Zyklen durchgeführt.

30

Die Subtraktionseffizienz wurde durch eine semi-quantitative PCR für ein bekanntes nicht reguliertes Gen (SH3P18) überprüft. Es zeigte sich eine Reduktion in dem subtrahierten cDNA Pool um einen Faktor von 150- 200.

5

2. Ligation der subtrahierten cDNA Pools in pUC 18

Die vorwärts und rückwärts subtrahierten cDNA Pools wurden in pUC 18 Sma I/BAP ligiert (SureClone Ligation Kit, Pharmacia Biotech) und anschließend in chemisch kompetente E. coli DH5 α kloniert.

10

Die Fragmente der subtrahierten cDNA Pools wurden dazu zu Blunt-Enden aufgefüllt und phosphoryliert. Folgende Zusammensetzungen wurden hierfür verwendet:

15

Subtrahierter cDNA Pool	1,5 μ g
Klenow Fragment	1 μ l
10x Blunting/Kinasing Buffer	2 μ l
Polynucleotide Kinase	1 μ l
Wasser	add 20 μ l

20

Die Reaktionen wurden für 30 min bei 37°C inkubiert, anschließend über PCR Purification Columns aufgereinigt und in 30 μ l Wasser eluiert. Anschließend wurde die DNA-Konzentration wurde mittels OD-Messung bestimmt.

25

2.1 Ligation in pUC 18

Die Ligation in pUC 18 wurde mit folgendem Ansatz durchgeführt:

30

Blunt-ended cDNA Pool	50ng
pUC 18 Sma I/BAP (50ng/ μ l)	1 μ l

2x Ligationspuffer	10µl
DTT	1µl
T4 DNA Ligase (6U/µl)	3µl
Wasser	add 20µl

5

Die Reaktionen wurden über Nacht bei Raumtemperatur inkubiert.

2.2 Transformation der Ligationen in E. coli DH5α

10

Die Ligationen wurden in chemisch kompetente E. coli DH5α transformiert.

Die transformierten Zellen wurden auf 2YT Agarose-Platten mit 100µg/ml Ampicilin, 625µM IPTG und 0,005% X-Gal ausgestrichen und über Nacht bei 37°C angezogen. Auf 17 zufällig ausgewählten, weißen Klonen wurde eine Kolonie-PCR mit Vektor-Primern (M13 Standardprimer) durchgeführt. 15-16 Klone zeigten dabei Inserts mit einer Größenverteilung, die der des verwendeten cDNA Pools entsprach.

15

Für jede Subtraktion wurden 1536 Klone in 384-well Platten mit 50µl 2YT, 1xHMF, 100µg/ml Ampicilin pro well transferiert. Die gefüllten 384-well Platten wurden über Nacht bei 37°C inkubiert und konnten dann bei -80°C gelagert werden.

20

3. Herstellung von Kolonie-Filtern:

Die 1536 Klone einer subtraktiven cDNA Bank wurden auf eine Hybond Nylon N+ Membran (Amersham) angeimpft. Die Membran wurde auf eine 2YT Agarose-Platte mit 100µg/ml Ampicilin gelegt und über Nacht bei 37°C inkubiert. Die Membran wurde mit der Kolonie-Seite nach oben für 4 min auf in Denaturierungslösung (0,5M NaOH, 1,5M NaCl) getränktes Whatman 3MM Papier gelegt. Anschließend wurde die Membran für 4 min auf in Neutralisierungslösung (1M Tris-HCl (pH7,5), 1,5M NaCl) getränktes Whatman 3MM Papier inkubiert. Die Membran wurde dann für 1h bei 37°C mit Proteinase K behandelt. Die Membran wurde dazu in 300ml Proteinase K Puffer (50mM NaCl, 5mM EDTA, 10mM Tris-HCl (pH8), 50mg/ml Proteinase K)

25

30

getaucht. Schließlich wurde die Membran bei 80°C für 3h getrocknet und wurde dann für die Hybridisierungen verwendet.

5 4. Differentielle Hybridisierung:

Um die differentielle Expression der klonierten Fragmente nachzuweisen wurde mit Hilfe eines PCR-Select Differential Screening Kits eine differentielle Hybridisierung auf Kolonie-Filtern der subtraktiven cDNA-Banken durchgeführt.

10

Für eine spezifische Hybridisierung der vorwärts und rückwärts subtrahierten cDNA Pools auf die subtraktiven cDNA-Bank Kolonie-Filter war es notwendig die Adapter-Sequenzen in der Hybridisierungsprobe zu entfernen.

15

Als Hybridisierungsproben für die Rsa I-Restriktion der subtrahierten cDNA Pools wurden eingesetzt:

cDNA Pool	28µl
10x Rsa I Restriktionspuffer (100mM Bis Tris Propan-HCl, pH7,0	
100mM Mg-Chlorid, 1mM DTT)	3µl
Rsa I (10U/µl)	2µl

20

Die Reaktionen wurden bei 37°C für 5h inkubiert und anschließend über PCR-Reinigungssäulen aufgereinigt und in 30µl Wasser eluiert. Die DNA-Konzentration wurde mittels OD-Messung bestimmt.

25

5. Radioaktive Markierung der subtrahierten cDNA Pools

Die radioaktive Markierung der subtrahierten cDNA Pools wurde mit folgendem Ansatz durchgeführt:

30

cDNA Pool	150ng in	9µl
-----------	----------	-----

3. Berechnung einer Konsensus-Sequenz aus den assemblierten Sequenzen.

Nun wird versucht die Konsensus-Sequenz in gleicher Weise zu verlängern. Diese

5 Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenz fortgesetzt, bis keine weitere Verlängerung mehr möglich ist.

10. Gefundene Nukleinsäure-Sequenzen

10

Analog der unter 1 bis 9 beschriebenen Verfahrensweise wurden z. B. folgende Sequenzen gefunden, von denen einige mehrfach in Kulturform a) oder Kulturform b) der Endothelzellen überexprimiert werden.

15 Diese Nukleinsäure-Sequenzen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die mögliche Funktion dieser Genbereiche betrifft die Angiogenese.

20 Das Ergebnis ist in der folgenden Tabelle I dargestellt:

TABELLE I

Seq ID No	Expression	Funktion	Homologie
1	überexprimiert in a)	Assoziiert mit Proliferation	Keine
2	überexprimiert in a)	Assoziiert mit Proliferation	Keine
3	überexprimiert in b)	Assoziiert mit Differenzierung	Keine
4	3-fach überexprimiert in b)	gap junction, assoziiert mit Differenzierung	connexin37; 96% Identität über 933 bp.
5	überexprimiert in a)	Assoziiert mit Proliferation	Keine
6	2-fach überexprimiert in b)	Assoziiert mit Differenzierung	Keine
7	überexprimiert in a)	Assoziiert mit Proliferation	Keine
8	überexprimiert in b)	Assoziiert mit Differenzierung	Keine
9	überexprimiert in b)	Assoziiert mit Differenzierung	Keine
10	überexprimiert in b)	Assoziiert mit Differenzierung	SPRY2; 99% Identität über 1489 bp.
11	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
12	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	mouse Gas5; 78% Identität über 121 bp.
13	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
14	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
15	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
16	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
17	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
18	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
19	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
20	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
21	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine

Seq ID-No	Expression	Funktion	Homologie
22	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
23	5-fach überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	mouse MMP; 83% Identität über 831 bp.
24	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
25	4-fach überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
26	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
27	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
28	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	KIAA0255; 57% Identität über 326 bp.
29	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	thymic epithelial cell antigen; 68% Identität über 326 bp.
30	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
31	4-fach überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
32	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
33	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
34	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
35	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
36	überexprimiert in a)	assoziiert mit Proliferation	Keine
37	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	CL-20; 87% Identität über 122 bp.
38	5-fach überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	mouse Numb; 90% Identität über 310 bp.
39	überexprimiert in a)	assoziiert mit Proliferation	Keine
40	überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
41	5-fach überexprimiert in a)	assoziiert mit Proliferation	Keine
42	6-fach überexprimiert in a)	Coreprozessor, assoziiert mit Proliferation	SMRT; 99% Identität über 785 bp.
43	überexprimiert in a)	assoziiert mit Proliferation	Keine
44	überexprimiert in a)	assoziiert mit Proliferation	Keine
45	überexprimiert in a)	assoziiert mit Proliferation	Keine
46	überexprimiert in a)	assoziiert mit Proliferation	Keine

Seq ID-No	Expression	Funktion	Homologie
47	5-fach überexprimiert in b)	assoziiert mit Differenzierung	Keine
48	überexprimiert in a)	assoziiert mit Proliferation	MUC18; 99% Identität über 780 bp.
49	überexprimiert in a)	assoziiert mit Proliferation	Keine
50	überexprimiert in a)	assoziiert mit Proliferation	Keine
51	3-fach überexprimiert in a)	assoziiert mit Proliferation	Keine
52	überexprimiert in a)	assoziiert mit Proliferation	Keine
53	überexprimiert in a)	assoziiert mit Proliferation	Keine
54	überexprimiert in a)	assoziiert mit Proliferation	Keine
55	7-fach überexprimiert in a)	assoziiert mit EC Proliferation und Migration	CYR61; 100% Identität über 2015 bp.
56	überexprimiert in a)	assoziiert mit Proliferation	Keine
57	überexprimiert in a)	assoziiert mit Proliferation	Keine
58	3-fach überexprimiert in a)	assoziiert mit Proliferation	Keine
59	überexprimiert in b)	Assoziiert mit Differenzierung	Keine

a), b) = Kulturformen

5

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 der ermittelten Kandidatengene werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

15

Sequenzprotokoll

5 (1) ALLGEMEINE INFORMATION:

(i) ANMELDER:

(A) NAME: Schering Aktiengesellschaft

(B) STRASSE: Müllerstraße 178

(C) STADT: Berlin

(E) LAND: Deutschland

(F) POST CODE (ZIP): D-13303

(G) TELEFON: (030)-4681 2085

(H) TELEFAX: (030)-4681 2058

(ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus
humanen Endothelzellen

(iii) Anzahl der Sequenzen: 59

(iv) COMPUTER READABLE FORM:

(A) MEDIUM TYPE: Floppy disk

(B) COMPUTER: IBM PC compatible

(C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS

(D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1835 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 1:

25

30

35

40

ttttacagtt	ttccttttct	tcagagttta	ttttgaattt	tcattttttg	ataaccaagc	60
agctctttta	gaagaatgca	cagaagagtc	attctggcac	ttttggatag	tacataagat	120
tttctttttt	tttttttaaat	ttttttttaat	agtcacattc	agctcgcttg	ctcaaaccag	180
actcccacat	tgggtgagca	agatgagccc	ataggattcc	agagttaata	cgtaaccgta	240
tatacaaaca	gccaaaaaac	cataatgggtg	ccacagggat	ggagcaggga	agggcatctc	300
taacgtgtcc	tctagtctat	cttcgctaaa	cagaaccac	gttacacatg	ataactagag	360
agcacactgt	gttgaaacga	ggatgctgac	cccaaattggc	acttggcagc	atgcagttta	420
aagcaaaaga	gacatccttt	aataactgta	taaaatccag	gcagttccat	taaaggggtt	480
aagaaaacca	acaacaacaa	aaagcgaggg	actgtctgtt	gtcactgtca	aaaaggcact	540
tggagttaat	gggaccagga	ttggaggact	cttagctgat	acagatttca	gtacgatttc	600
attaaaaggc	ttggatgtta	agagaggaca	ctcagcgggt	cctgaaggga	gacgctgaga	660
tggaccgctg	agaagcggaa	cagatgaaca	caaaggaatc	aaatctttac	aaccaaattg	720
catttaagcg	acaacaaaaa	aaggcaaacc	ccaaaacgca	acctaacca	agcaaaatct	780
aagcaaaatc	agacaacgaa	gcagcgatgc	atagctttcc	tttgagagaa	cgcatacctt	840
gagacgctac	gtgccaacct	aagttctcaa	cgacagcttc	acagtaggat	tattgtgata	900
aaaatgactc	aagcgatgca	aaaagtttca	tctgtttcca	gaatccgagg	gagaactgag	960
gtgatcgtta	gagcatagcg	acatcacgtg	cggttttcta	atgtcccttg	tggcggatac	1020
gccgagtcct	cgggaaggaca	tctggacacc	acttttcagc	acctccttgc	aggggcgaca	1080

tccgccaaag tcataccttta ttccgagtaa taactttaat tcctttctaa catttacacg 1140
 gcaaacagga atgcagtaaa cgtccacgtc cgtcccacgg ctgggctgcc gttccgtttc 1200
 ctccacgaac gggtagcgc ttccatgaga aaggatattt ggcaatttta tattccacag 1260
 tcaggtgggt ctgcgatagc tcatttaatg ttaaagcca tcaggggcct ctctcccgt 1320
 5 ttctgccagg ggcttttctt gtcttctcct tggcgagtc gtgggcagat cttctctggt 1380
 gggggctggc tgctggctcc gaggggcat ccgcagtcg tctggctgct tcctcctgca 1440
 ggctgggcag ctggccacca cttctccgac tcgacccctc caacaagcat cgcagggcac 1500
 tgtcctcggg ggtacagacc gtgggtccac attcgctacc actctgttcc acgtcatcca 1560
 ggtacacgag ctgcgtgtag gccgtgctgt ctggggctcg aggtctttc tgctgggtgct 1620
 10 ~~cttggacggg cgggtagttc tgctgcagag acaaagcacc tccccttccc ttcggggtg~~ 1680
 attttggttc attcatatct acgccagagt ccaaactggc atcattactt ccgttccttc 1740
 cagctctttg gagaatcaat gtatgaatgt ctaacctgac cgttggacct gccatccaag 1800
 gagacgaacc acgcccgagg gtgcggaagc ggcct

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 581 Basenpaare

20

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

25

hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

35

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 2:

```

5   gttctagatt gttttattca gtaattagct cttaagaccc ctgggggctg tgctacccag 60
    acactaacia cagtctctat ccagttgctg gttctgggtg acgtgatctc cccatcatga 120
    tcaacttact tcctgtggcc cattagggaa gtgggtgacct cgggagctat ttgcctgttg 180
    agtgcacaca cctggaacaa tactgctctc attttttcat ccacatcagt gagaaatgag 240
    tggeecgtta gcaagatata actatgcaat catgcaacaa agctgcctaa taacatttca 300
    tttattacag gactaaaagt tcattattgt ttgtaaagga tgaattcata acctctgcag 360
10  agttatagtt catacacagt tgatttccat ttataaaggc agaaagtcct tgttttctct 420
    aaatgtcaag ctttgactga aaactcccgt ttttccagtc actggagtgt gtgcgtatga 480
    aagaaaatct ttagcaatta gatgggagag aagggaata gtacttgaaa tgtaggcctt 540
    cacctcccca tgacatcctc catgagcctc ctgatgtagt g

```

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 516 Basenpaare

20

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

25

hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

35

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3:

```

5   tagagatggtt ggttgatgac ccccgggatc tggagcagat gaatgaagag tctctggaag 60
    tcagcccaga catgtgcatc tacatcacag aggacatgct catgtcgcgg aacctgaatg 120
gacactctgg gttgattgtg aaagaaattg ggtcttccac ctcgagctct tcagaaacag 180
    ttgttaagct tctgtggccag agtactgatt ctcttccaca gactatatgt cggaaaccaa 240
    agacctccac tgatcgacac agcttgagcc tcgatgacat cagactttac cagaaagact 300
10  tcctgcgcat tgcaggctctg tgtcaggaca ctgctcagag ttacaccttt ggatgtggcc 360
    atgaactgga tgaggaaggc ctctattgca acagttgctt ggcccagcag tgcataca 420
    tccaagatgc ttttccagtc aaaagaacca gcaaatactt ttctctggat ctcactcatg 480
    atgaagttcc agagtttgtt gtgtaaagtc cgtctg

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1099 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4:

5

10

15

20

25

```

cccacaacac agggggccctg aaacacgcca gcctctcctc tgtgggtcagc ttggcccagt 60
cctgctcact ggatcacagc ccattgtagg tggggcatgg tggggatcag ggcccctggc 120
ccacggggag gtagaagaag acctgggtccg tgtaagggtc tgagaagggt ccctgggtcg 180
ggggtgcgtc ttggccttgc cgtgcctca tccccggct gaggcagcga cacagcaggt 240
gcaccaactc cagcagggtta agcaccaggg agatgagtcc aaccaccaac atgaagatga 300
tgaagatggg cttctccgtg gggcgagaga caaagcagtc cacgaggtag gggcagggtg 360
ctcgtggca cacaacacg ggtccatgg tccagccgta caggcgccac tggccataga 420
ggaagcctgc ctctagcaca ctcttgacga gcacactggc gacatagggtg cccatcagtg 480
ctccgcggat gcgcaggcga ccattctctg ccaccgagat cttggccatc tgacgctcta 540
cggccggcag cgcccgctcc acctgtgggt ccttggccgg cagtggccgc agtccccct 600
ccttctgcgc cagccgctct tctgcgcgag acaggtaaat gacatggccc aggtagacca 660
gggtgggtgt gctgacgaag aggaactgca gcacccagta gcggatgtgg gagatgggga 720
aggcctggtc atagcagacg ttgggtgcagc ctggctgggc cgtgttacac tcgaaatctg 780
actgctcgtc accccacact gactcgccgg ccaggcccag gatgaggatg cggaagatga 840
agagcaccgt cagccagatc ttaccaccca cggtcgagtg ctcttgacc tgggtccagca 900
acttctccac gaagccccag tcacccatgg ctcccgggcc tccgtcggca aggagacaga 960
gcacgtcagt gtgtcagcat ggcattcctc tcgttcgccc agcaacaagc ctgcagggag 1020
gtctgccacg cccgttctac cgctgcctg ccgggcggcc cagggtggagg tggggacgat 1080
ggccggagtg acgcccgcg

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1015 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5:

10

gaggataggg agcctgggggt caggagtgtg ggagacacag cgagactctg tctccaaaaa 60
 aaaaagtgtt ttttgaaaat gttgaggttg aaatgatggg aaccaacatt ctttggtatt 120
 agtggggagc ataatagcaa acacccccctt gggtcgcaca tgtacaggaa tgggacccag 180
 15 ttggggcaca gccatggact tccccgccct ggaatgtgtg gtgcaaagtg gggccagggc 240
 ccagacccaa gaggagaggg tgggtccgcag acaccccggt atgtcagcat ccccgacct 300
 gccttctggc ggcacctccc ggggtgctgtg ttgagtcagc aggcattggg tgagagcctg 360
 gtatatgtct ggaacagggg gcagggggcca agcgttcctc cttcagcctt gacttggggc 420
 atgcaccccc tctcccccaa acacaaacaa gcacttctcc agtatgggtg caggacaggt 480
 20 gtcccttcag tctctgtgtt atgacctcaa gtccacttg ggccctgcag cccagcctgt 540
 gttgtaacct ctgcgtcctc aagaccacac ctggaagatt cttcttcctt ttgaaggaga 600
 atcatcattg ttgctttatc acttctaaga cattttgtac ggcacggaca agttaaacag 660
 aatgtgcttc cctccctggg gtctcacacg ctcccacgag aatgccacag gggccgtgca 720
 ctgggcaggc ttctctgtag aaccccaggg gcttcggccc agaccacagc gtcttgccct 780
 25 gagcctagag caggaggtcc cgaacttctg cattcacaga ccacctccac aattgttata 840
 accaaaggcc tctgttctg ttatttcaact taaatcaaca tgctattttg ttttcaactca 900
 cttctgactt tagcctcgtg ctgagccgtg tatccatgca gtcattgttca cgtgctagtt 960
 acgtttttct tcttacacat gaaaataaat gcataagtgt tagaagaaaa aaaaa

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2313 Basenpaare

35

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

40

hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6:

15

	ccagagcagg	cctggtggtg	agcagggacg	gtgcaccgga	cggcgggata	gagcaaatgg	60
	gtctggccat	ggagcacgga	gggtcctacg	ctcgggcggg	gggcagctct	cggggctgct	120
	ggtattacct	gcgctacttc	tctctcttcg	tctccctcat	ccaattcctc	atcatcctgg	180
20	ggctcgtgct	cttcatggtc	tatggcaacg	tgcacgtgag	cacagagtc	aacctgcagg	240
	ccaccgagcg	ccgagccgag	ggcctataca	gtcagctcct	agggctcacg	gcctcccagt	300
	ccaacttgac	caaggagctc	aacttcacca	cccgcgccaa	ggatgccatc	atgcagatgt	360
	ggctgaatgc	tgcgcgcgac	ctggaccgca	tcaatgccag	cttcgcgcag	tgccagggtg	420
	accgggtcat	ctacacgaac	aatcagaggt	acatggctgc	catcatcttg	agtgagaagc	480
	aatgcagaga	tcaattcaag	gacatgaaca	agagctgcga	tgcttgctc	ttcatgctga	540
	atcagaaggt	gaagacgctg	gaggtggaga	tagccaagga	gaagaccatt	tgactaagg	600
	ataaggaaag	cgtgctgctg	aacaaacgcg	tggcggagga	acagctgggt	gaatgcgtga	660
	aaaccgcgga	gctgcagcac	caagagcgcc	actggccaag	gagcaactgc	aaaagggtgca	720
	agccctctgc	ctgcccctgg	acaaggacaa	gtttgagatg	gaccttcgta	acctgtggag	780
30	ggactccatt	atcccacgca	gcctggacaa	cctgggttac	aacctctacc	atcccctggg	840
	ctcgggaattg	gcctccatcc	gcagagcctg	cgaccacatg	cccagcctca	tgagctccaa	900
	ggtggaggag	ctggcccggg	gcctccgggc	ggatatcgaa	cgcgtggccc	gcgagaactc	960
	agacctccaa	cgccagaagc	tggaagccca	gcagggcctg	cgggccagtc	aggaggcgaa	1020
	acagaaggtg	gagaaggagg	ctcaggccc	ggaggccaag	ctccaagctg	aatgctccc	1080
35	gcagaccag	ctagcgtgg	aggagaaggc	ggtgctgcgg	aaggaaacgag	acaacctggc	1140
	caaggagctg	gaagagaaga	agaggaggc	ggagcagctc	aggatggagc	tgcccatcag	1200
	aaactcagcc	ctggacacct	gcatcaagac	caagtcgcag	ccgatgatgc	cagtgtcaag	1260
	gcccattgggc	cctgtcccca	acccccagcc	catcgaccca	gctagcctgg	aggagttcaa	1320
	gaggaagatc	ctggagtccc	agaggcccc	tgaggcatc	cctgtagccc	catccagtgg	1380
40	ctgaggaggc	tccaggcctg	aggaccaagg	gatggcccga	ctcggcggtt	tgccgaggat	1440
	gcagggatat	gctcacagcg	cccacacaaa	ccccctcccg	ccgcccccaa	ccaccaggg	1500
	ccaccatcag	acaactccct	gcatgcaaac	ccctagtacc	ctctcacacc	cgcaccgcg	1560
	cctcacgac	cctcacccag	agcacacggc	cgcggagatg	acgtcacgca	agcaacggcg	1620
	ctgacgtcac	atatcaccgt	ggtgatggcg	tcacgtggcc	atgtagacgt	cacgaagaga	1680
45	tatagcgatg	gcgtcgtgca	gatgcagcac	gtcgcacaca	gacatgggga	acttggcatg	1740

acgtcacacc gagatgcagc aacgacgtca cgggccatgt cgacgtcaca catattaatg 1800
 tcacacagac gcggcgatgg catcacacag acggtgatga tgtcacacac agacacagtg 1860
 acaacacaca ccatgacaac gacacctata gatatggcac caacatcaca tgcacgcatg 1920
 ccctttcaca cacactttct acccaattct cacctagtgt cacgttcccc cgaccctggc 1980
 5 acacgggccca aggtacccac aggatcccat cccctcccgc acagccctgg gccccagcac 2040
 ctccccctct ccagcttcct ggcctcccag ccacttcctc acccccagtg cctggaccgc 2100
 gaggtgagaa caggaagcca ttcacctccg ctccttgagc gtgagtgtt ccaggacccc 2160
 ctcgggggccc tgagccgggg gtgaggggtca cctgttgtcg ggagggggagc cactccttct 2220
 cccccaactc ccagccctgc ctgtggcccc ttgaaatgtt ggtggcactt aataaatatt 2280
 10 agtaaatcct taaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaa

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 389 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7:

gccaataaaga tggcttcaaa agtaagaatg aaacatttga tccattcagc tttaggctat 60
 gccactggat tcatgtctag aaaagatagg ataatttctg taaagaaatg aagaccttgc 120
 tatttctaaaa tcagatcctt acagatccag atttcaggaa acaaatacat aggggactaa 180
 5 ctttccttgt tcagattagt ttttctcctt tgcacccagc tatataatat gaggaagtat 240
 tgacttttta aaagtgtttt agttttccat ttctttgata tgaaaagtaa tatttcggga 300
 gaaccctgag ctattaataa tctatgtggc tagtgcgat atattggtct gaatttgttc 360
 tccttttgtg gtgtccagtg ggtaacatc

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 157 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 20 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8:

tgctttaaac agctgtgtca aaaactgaca tcagagagta aattgaattt ggttttgtag 60
gaagcaggaa gcaagccac tcaaactgtga aatttgcat gagggatcca gtaactttct 120
cctcaatctg tgaactatat gtgagtttga tattttg

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 561 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN: Endothelzelle

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- 30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9:

aatagtcaaa acataaacia aagctaatta actggcactg ttgtcacctg agactaagtg 60
gatgttggtg gctgacatac aggctcagcc agcagagaaa gaattctgaa ttccccttgc 120
35 tgaactgaac tattctgtta catatgggtg acaaactctgt gtgttatttc ttttctacct 180

accatatttta aatttatgag tatcaaccga ggacatagtc aaaccttcga tgatgaacat 240
 tcctgatttt ttgcctgatt aatctctgtt gagctctact tgtgggcatt caagatttta 300
 tgatgttgaa aggaaaagtg aatatgacct ttaaaaattg tattttgggt gatgatagtc 360
 tcaccactat aaaactgtca attattgcct aatgttaaag atatccatca ttgtgattaa 420
 5 ttaaacctat aatgagtatt cttaatggag aattcttaat ggatggatta tcccctgata 480
 ttttctttta aatttctctg cacacacagg acttctcatt ttccaataaa tgggtgtact 540
 ctgccccaat ttctaggaaa a

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1508 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10:

35

cacaaacacg agagactcca cggctctgcct gagcaccgcc agcctcctag gctccagcac 60

	tcgcaggtcc	attctttctgc	acgagcctct	ctgtccagat	ccataagcac	ggtcagctca	120
	gggtcgcgga	gcagtacgag	gacaagtacc	agcagcagct	cctctgaaca	gagactgcta	180
	ggatcatcct	tctcctccgg	gcctgttgct	gatggcataa	tccgggtgca	acccaaatct	240
	gagctcaagc	caggtgagct	taagccactg	agcaaggaag	atttgggcct	gcacgcctac	300
5	aggtgtgagg	actgtggcaa	gtgcaaatgt	aaggagtgca	cctacccaag	gcctctgcca	360
	tcagactgga	tctgcgacaa	gcagtgcctt	tgctcggccc	agaacgtgat	tgactatggg	420
	acttggtgat	gctgtgtgaa	aggtctcttc	tatcactggt	ctaataatga	tgaggacaac	480
	tgtgctgaca	acccatgttc	ttgcagccag	tctcactggt	gtacacgatg	gtcagccatg	540
	gggtgcatgt	ccctcttttt	gccttggtta	tggtgttacc	ttccagccaa	gggttgccct	600
10	aaattgtgcc	aggggtgtta	tgaccqggtt	aacaggcctg	gttgccqctg	taaaaactca	660
	aacacagttt	gctgcaaagt	tcccactgtc	ccccctagga	actttgaaaa	accaacatag	720
	catcattaat	caggaatatt	acagtaatga	ggattttttc	tttctttttt	taatacacat	780
	atgcaaccaa	ctaaacagtt	ataatcttgg	cactgttaat	agaaagttgg	gatagtcttt	840
	gctgttttgcg	gtgaaatgct	ttttgtccat	gtgccgtttt	aactgatatg	cttggttagaa	900
15	ctcagctaata	ggagctcaaa	gtatgagata	cagaacttgg	tgacccatgt	attgcataag	960
	ctaaagcaac	acagacactc	ctaggcaaaag	tttttgtttg	tgaatagtac	ttgcaaaaact	1020
	tgtaaattag	cagatgactt	ttttccattg	ttttctccag	agagaatgtg	ctatatTTTT	1080
	gtatatacaa	taatatTTTgc	aactgtgaaa	aacaagtggg	gccatactac	atggcacaga	1140
	cacaaaatat	tatactaata	tgttgtagat	tcggaagaat	gtgaatcaat	cagtatgttt	1200
	ttagattgta	ttttgcctta	cagaaagcct	ttattgtaag	actctgattt	ccctttggac	1260
	ttcatgtata	ttgtacagtt	acagtataat	tcaaccttta	ttttctaatt	ttttcaacat	1320
	attgttttagt	gtaaagaata	tttatttgaa	gttttattat	tttataaaaa	agaatatTTT	1380
	ttttaagagg	catcttacaa	atTTTgcccc	ttttatgagg	atgtgatagt	tgctgcaaat	1440
25	gaggggttac	agatgcatat	gtccaatata	aaatagaaaa	tatattaacg	tttgaaatta	1500
	aaaaaaaa						

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 389 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11:

10 gggcaggtga tcagggcaca catttcccgt ccattgagac agtagcattc ccggcaccca 60
 tcgtgccagc tctcctcatt tttatgatga tgaccatcca cggtgagaca agtgcccgcac 120
 aggatgggtg gccagctga agcacaggcc gctctgcact tgcagataag acagccgtga 180
 ctgtcctgct ggaaacccaa ggggcagatc ttactgcatg agagctctgg acattttctta 240
 cagcgacaga tgtcacagcc gtgcttattc ttcagcaatc caagtggaca atacttgtca 300
 cagattatgg gtctgcactt cttgggcctt gggcggcact cacagatctc acagttttgg 360
 acctcggccg cgaccacgct gggtaccga

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 981 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12:

```

10  tttttttttt ttggattgca aaaattttatt aaaattggag acactgtttt aatcttcttg 60
    tgccatgaga ctccatcagg cagtctacaa agaccactgg gaggtgagg atcacttgag 120
    ccagagaagt tgaggctgta gtaagcttca aaggccactg cactctagct tgggtgaggc 180
    aagacccttt caagcagtaa gctgcatgct tgcttggtgt ggtcattaaa aaccctagtt 240
    taggataaca acatattaat cagggcaaaa taaaaatgtg tgatgcttgt tagtagagta 300
    acctcagaat caaaatggaa cggttttaca gtgatatcat tatatttcat ttggcagaat 360
    cattacatca ttggttacac tgaaaatcat cacatgtacc aaaagctgac tcacctagtt 420
    taggataaca ggtctgcctg tttgaagatg aaaaataata cccattttaa atttgcccta 480
    ctcaatttcc ttctcagtca cattttaact tttaaacagc taatcactcc catctacaga 540
    ttaagggtgta tatgccacca aaaccttttg ccaccttaaa aatttccttc aaagttttaa 600
    ctaatgcctg catttcttca atcatgaatt ctgagtcctt tgcttcttta aaacttgctc 660
20  cacacagtgt agtcaagccg actctccata cccaagcaag tcatccatgg ataaaaacgt 720
    taccaggagc agaaccatta agctgggtcca ggcaagttgg actccaccat ttcaacttcc 780
    agctttctgt ctaatgcctg tgtgccaatg gcttgagtta ggcttgctct ttaggacttc 840
    agtagctatt ctcatccttc cttggggaca caactgtcca taagggtgcta tccagagcca 900
    cactgcatct gcacccagca ccatacctca caggagtcga ctcccacgag ccgcctgtat 960
25  ataagagttc ttttgatgac g

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 401 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13:

15 ataactacag cttcagcaga caactaaaga gactgcatta aggtgatttc tctggctata 60
 aagagagccc ggccgcagag catgtgactg ctgggacctc tgggataggc aacactgccc 120
 tctctcccc agagcgacct ccggggcagg tcggggccca aggaatgacc cagcaactgc 180
 tccctaccca gcacactctc ttactgcca cctgcaatta tgctgtgaag atgactgggt 240
 gtggatcatca cgattcagag aaatcaagat ctatgaccat ttaggcaaaa gagagaaact 300
 tggagaattg ctgaggacta ctgaaccttg ttttgctttt ttaaaaaata ctaaatacctc 360
 20 acttcagcat atttagttgt cattaaaatt aagctgatat t

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1002 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14:

15 gacaatataa aaagtggaaa caagcataaa ttgcagacat aaaataatct tctggtagaa 60
 acagttgtgg agaacagggt gagtagagca acaacaacaa aagcttatgc agtcaccttc 120
 ttgaaaaatg ttaaatacaa gtcctattct ctttgtccag ctgggttttag ctagaggttag 180
 ccaattactt ctcttaagggt ccatggcatt cgccaggatt ctataaaagc caagttaact 240
 gaagtaaata tctggggccc atcgcacccc cactaagtac tttgtcacca tgttgtatct 300
 taaaagtcac ttttctactgt ttgactcaga atttgggact tcagagtcaa acttcattgc 360
 20 ttactccaaa cccagtttaa ttccccactt ttttaagtag gcttagcttt gagtgatttt 420
 tggctataac cgaaatgtaa atccaccttc aaacaacaaa gtttgacaag actgaaatgt 480
 tactgaaaac aatggtgcca tatgctccaa agacatttcc ccaagataac tgccaaagag 540
 tttttgagga ggacaatgat catttattat gtaggagcct tgatatctct gcaaaataga 600
 attaatacag ctcaaattga gtagtaacca agcttttctg cccaggaagt aacaaacatc 660
 25 actacgaaca tgagagtaca agaggaaact ttcataatgc attttttcat tcatacattc 720
 attcaataaa cattagccaa gctaattgtc caagccactg tgccaggat taacaatata 780
 acaacaataa aagacacagt ccttcctctc aagggtgttca gtctagtagg gaagatgatt 840
 attcattaaa atttttggtg catcagaatc atgaggagct tgtcaaaaat gtaaattcct 900
 gcctatgttc tcagatatcc tggtaggtc aggagtggga acccaaaatc aattctttta 960
 acaaacacta aaggtgatcc taacacaggc ggtgtgagga cc

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 280 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

~~(iii) ANTI-SENSE: NEIN~~

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15:

20

```
cgagggtgggc caccctgtgc tggctctgaga tttttaaatg aggattacat tctcctatct 60
ataatattcc tattctaatc tattgtattc ttacaattaa atgtatcaaa taattcttaa 120
aaacattatt agaaacaaac tgcctaatac cttataagac taaaaaaatc accaagatga 180
aactgtatta tgactctcaa tatttaaaca tttaaaaaaa tgtagtggtt tgtaagcac 240
caatcttaac tatttcacct gcccgggcgg ccgctcgagg
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2041 Basenpaare

30

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16:

15

```

ccccccgcag aactcccccc tggaaatagga ttttttaaaac ccttgacaat tagaaatcct 60
atagaggtta gcattttttta ggtaaaaata tggttgcccc tacagggatc atgcaacttc 120
cttaaaacca attcagcaca tatgtataaa gaaccctttt taaaaacatt tgtacttgaa 180
20 atacagacac agtgatgctg aagacactaa acaaaaactg aaaagtacta taccttgata 240
aatTTtgTTa ttgccttctt tagagacttt ataatctcta gttgattttc aaggacttga 300
atttaataat ggggtaatta cacaagacgt aaaggatttt ttaaaaacaa gtattttttt 360
ttacctctag catcaattct tttataaaga atgctaaata aattacattt tttgttcagt 420
aaaactgaag atagaccatt taaatgcttc taccaaattt aacgcagctt aattagggac 480
25 caggtagata ttttcttctg aacatttttg gtcaagcatg tctaaccata aaagcaaatg 540
gaattttaag aggtagattt tttttccatg atgcattttg ttaataaatg tgtcaagaaa 600
ataaaaacaa gcactgagtg tgttctcttg aagtataagg gtctaataaa aaataaaaaga 660
tagatatTTg ttatagtctg acatttttaac agtcatagta ttagacgttt cgtgaccagt 720
gcatttttga ctctctcagg atcaaaatac gagtctgcca actgtattaa atcctcctcc 780
30 accccctcca ccagttgggtc cacagcttcc tgggtgggtcg ttgtcatcaa atccattggg 840
ccgaaatgaa catgaagcag atgcagcttg gagggcccg gctcgagcat tcaactcttg 900
ttcctgtaaa tatagtttat tgtcttttgt tatagcatcc ataagttcct tctgtagagg 960
tgggtctcca tttatccaga gtccactggg tgggttatta ccacttaaac cattagtact 1020
atgctgtttt ttatacaaaa gcacataagc tgtgtccttt ggaaacctgc tcgtaatttt 1080
35 ctggactgac tgaaatgaag taaatgtcac tctactgtca ttaaataaaa acccattcct 1140
ttgacatttc cttattttcc aaatcctggt caaaaactgc actgggacta tctctcccta 1200
gtaaatgact ctgggaggat gctaatacca gagcctcaga ctgggtggtac atctgatatg 1260
aagagtctgt acttgatgata tttctggcat aagaatagta atgccactt tcagaggata 1320
taccagagtg aaccacaacg gaacttaata gatagggcac caattttgtg caggaagctt 1380
40 catcagtcct tgaaggcttt aatttttttag caaggttctc actaagatca gtgaagtcaa 1440
catctacaga ccaactttct gacaatgaag agaaagaagt aattcttcta actggcaact 1500
ccaaaaccag tggccagtgat tacattgtct aaaattttcc ttctcacatg atacttctga 1560
tcatatgaaa atctcaggag agtaagaata aggtattcag gttcctccgt gatttgcata 1620
gttttctcag cattttgcag agaggcacag ttttcacaat aatattgggt atcaccagta 1680
45 agaatctctg gagcccaaaa aataatttag taagtcagtt actgaagggt tggtttcacc 1740

```

tccccggtttc tgagggtacat ctttattaac aagaatcttg ttagattcgt tagggacaga 1800
 agtggttttca gaacagtaaa actcattagg aggactgcct atgggtttttt cattcacaag 1860
 tgagtcacag atgaaggcag ctgttggttg attataaaact actggctctt ctgaaggacc 1920
 gggtagacagac gcttgcatga gaccaccatc ttgtatactg ggtgatgatg ctggatcttg 1980
 5 gacagacatg ttttccaaag aagaggaagc acaaaacgca agcgaaagat ctgtaaaggc 2040
 t

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 235 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17:

35

cgccccgggc aggtgtcagg ggttccaaac cagcctgggg aaacacagcg tagacccttc 60
 acctctacaa ataaaaaatt aaaaaattag ccaggtgtgg cagcgaacaa ctgtagtctc 120

agataactcag gagactgagc tggaaaggat cacttgagcc caagaagttc aaggttacag 180
 tgggccacga tcatgtcatt acactccagc ttgggtgaca aaatgagact gtcta

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2732 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

10 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNAs

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18:

30

gtgtggagtt tcagctgcta ttgactataa gagctatgga acagaaaaag cttgctggct 60
 tcatgttgat aactacttta tatggagctt cattggacct gttaccttca ttattctgct 120
 aaatattatc ttcttggtga tcacattgtg caaaatgggtg aagcattcaa acactttgaa 180
 accagattct agcaggttgg aaaacattaa gtcttgggtg cttggcgctt tcgctcttct 240
 35 gtgtcttctt ggcctcacct ggtccttttg gttgcttttt attaatgagg agactattgt 300
 gatggcatat ctcttcacta tattttaatgc tttccaggga gtgttcattt tcatctttca 360

	ctgtgctctc	caaaagaaag	tacgaaaaga	atatggcaag	tgcttcagac	actcatactg	420
	ctgtggaggc	ctcccaactg	agagtcacca	cagttcagtg	aaggcatcaa	ccaccagaac	480
	cagtgtctcg	tattcctctg	gcacacagag	tcgtataaga	agaatgtgga	atgatactgt	540
	gagaaaacaa	tcagaatctt	cttttatctc	aggtgacatc	aatagcactt	caacacttaa	600
5	tcaaggtggc	ataaatctta	atatattatt	acaggactga	catcacatgg	tctgagagcc	660
	catcttcaag	atztatatca	tttagaggac	attcactgaa	caatgccagg	gatacaagtg	720
	ccatggatac	tctaccgcta	aatggtaatt	ttaacaacag	ctactcgtcg	cacaaggggtg	780
	actataatga	cagcgtgcaa	gttgtggact	gtggactaag	tctgaatgat	actgcttttg	840
	agaaaatgat	catttcagaa	ttagtgcaca	acaacttacg	gggcagcagc	aagactcaca	900
10	acctcgagct	cacgctacca	gtcaaacctg	tgattggagg	tagcagcagt	gaagatgatg	960
<hr/>							
	ctattgtggc	agatgcttca	tctttaatgc	acagcgacaa	cccagggctg	gagctccatc	1020
	acaaagaact	cgaggcacca	cttattcctc	agcggactca	ctcccttctg	taccaacccc	1080
	agaagaaagt	gaagtccgag	ggaactgaca	gctatgtctc	ccaactgaca	gcagaggctg	1140
	aagatcacct	acagtccccc	aacagagact	ctctttatac	aagcatgccc	aatcttagag	1200
15	actctcccta	tccggagagc	agccctgaca	tggaagaaga	cctctctccc	tccaggagga	1260
	gtgagaatga	ggacatttac	tataaaagca	tgccaaatct	tgagagctggc	catcagcttc	1320
	agatgtgcta	ccagatcagc	aggggcaata	gtgatgggta	tataatcccc	attaacaaag	1380
	aaggggtgat	tccagaagga	gatgttagag	aaggacaaat	gcagctgggt	acaagtcttt	1440
	aatcatacag	ctaaggaatt	ccaagggcca	catgcgagta	ttaataaata	aagacaccat	1500
	tggcctgacg	cagctccctc	aaactctgct	tgaagagatg	actcttgacc	tgtgggttctc	1560
	tgggtgtaaaa	aagatgactg	aaccttgacg	ttctgtgaat	ttttataaaa	catacaaaaa	1620
	ctttgtatat	acacagagta	tactaaagtg	aattattttgt	tacaaagaaa	agagatgccca	1680
	gccagggtatt	ttaagattct	gctgctgttt	agagaaattg	tgaaacaagc	aaaacaaaac	1740
25	tttccagcca	ttttactgca	gcagtcctgtg	aactaaattt	gtaaatatgg	ctgcaccatt	1800
	tttgtaggcc	tgcattgtat	tatatacaag	acgtaggctt	taaaatcctg	tgggacaaat	1860
	ttactgtacc	ttactattcc	tgacaagact	tggaaaagca	ggagagatat	tctgcatcag	1920
	tttgagttc	actgcaaact	ttttacatta	aggcaaagat	tgaaaacatg	cttaaccact	1980
	agcaatcaag	ccacaggcct	tatttcatat	gtttcctcaa	ctgtacaatg	aactatttctc	2040
	atgaaaaatg	gctaaagaaa	ttatatatttg	ttctattgct	agggtaaaaat	aaatacattt	2100
30	gtgtccaact	gaaatataat	tgtcattaaa	ataatttttaa	agagtgaaga	aaatattgtg	2160
	aaaagctctt	ggttgacat	gttatgaaat	gttttttctt	acactttgtc	atggtaagtt	2220
	ctaactat	tcacttcttt	tccactgtat	acagtgttct	gctttgacaa	agttagtctt	2280
	tattactttac	attttaaattt	cttattgcca	aaagaacgtg	ttttatgggg	agaaacaaac	2340
	tctttgaagc	cagttatgtc	atgccttgca	caaaagtgat	gaaatctaga	aaagattgtg	2400
35	tgtcaccct	gtttatttctt	gaacagaggg	caaagagggc	actgggcact	tctcacaac	2460
	tttctagtga	acaaaagggtg	cctatttctt	tttaaaaaaa	taaaataaaa	cataaatatt	2520
	actcttccat	attccttctg	cctatattta	gtaattaatt	tattttatga	taaagttcta	2580
	atgaaatgta	aattgtttca	gcaaaattct	gctttttttt	catccctttg	tgtaaacctg	2640
	ttaataatga	gcccatcact	aatatccagt	gtaaagttta	acacgggtttg	acagtaaata	2700
	aatgtgaatt	ttttcaagtt	aaaaaaaaaa	aa			

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 276 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19:

20

```
ctccctaaat gatttttaaaa taaattggat aaacatatga tataaagtgg gtactttaga 60
aaccgccttt gcatattttt tatgtacaaa tctttgtata caattccgat gttccttata 120
tattccctat atagcaaacc aaaaccagga cctcccaact gcatgcctca agtccctgtg 180
gagcactctg gcaactggat ggccctactt gctttctgac aaaatagctg gaaaggagga 240
gggaccaatt aaatacctcg gccgcgacca cgctgg
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2361 Basenpaare

30

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20:

15

	attgtaccag	ccttgatgaa	cgtgggccct	gcttcgcttt	tgagggccat	aagctcattg	60
	cccactggtt	tagaggctac	cttatcattg	tctcccgtga	ccggaagggt	tctcccaagt	120
	cagagtttac	cagcagggat	tcacagagct	ccgacaagca	gattctaaac	atctatgacc	180
20	tgtgcaacaa	gttcatagcc	tatagcaccg	tctttgagga	tgtagtggat	gtgcttgctg	240
	agtggggctc	cctgtacgtg	ctgacgcggg	atgggcgggt	ccacgcactg	caggagaagg	300
	acacacagac	caaactggag	atgctgttta	agaagaacct	at ttgagatg	gcgattaacc	360
	ttgccaagag	ccagcatctg	gacagtgatg	ggctggccca	gattttcatg	cagtatggag	420
	accatctcta	cagcaagggc	aaccacgatg	gggctgtcca	gcaatatatc	cgaaccattg	480
25	gaaagttgga	gccatcctac	gtgatccgca	agtttctgga	tgcccagcgc	attcacaacc	540
	tgactgccta	cctgcagacc	ctgcaccgac	aatccctggc	caatgccgac	cataccaccc	600
	tgctcctcaa	ctgctatacc	aagctcaagg	acagctcgaa	gctggaggag	ttcatcaaga	660
	aaaagagtga	gagtgaagtc	cactttgatg	tggagacagc	catcaaggtc	ctccggcagg	720
	ctggctacta	ctcccatgcc	ctgtatctgg	cggagaacca	tgcacatcat	gagtgggtacc	780
30	tgaagatcca	gctagaagac	attaagaatt	atcaggaagc	ccttcgatac	atcggcaagc	840
	tgccttttga	gcaggcagag	agcaacatga	agcgtacgg	caagatcctc	atgcaccaca	900
	taccagagca	gacaactcag	ttgctgaagg	gactttgtac	tgattatcgg	cccagcctcg	960
	aaggccgcag	cgatagggag	gccccaggct	gcagggccaa	ctctgaggag	ttcatcccca	1020
	tctttgccaa	taaccgcgca	gagctgaaag	ccttcctaga	gcacatgagt	gaagtgcagc	1080
35	cagactcacc	ccaggggatc	tacgacacac	tccttgagct	gcgactgcag	aactggggccc	1140
	acgagaagga	tccacaggtc	aaagagaagc	ttcacgcaga	ggccatttcc	ctgctgaaga	1200
	gtggctcgctt	ctgcgacgtc	tttgacaagg	ccctggctct	gtgccagatg	cacgacttcc	1260
	aggatgggtg	cctttacctt	tatgagcagg	ggaagctggt	ccagcagatc	atgcactacc	1320
	acatgcagca	cgagcagtag	cggcagggtca	tcagcgtgtg	tgagcgccat	ggggagcagg	1380
40	accctcctt	gtgggagcag	gccctcagct	acttcgctcg	caaggaggag	gactgcaagg	1440
	agtatgtggc	agctgtcctc	aagcatatcg	agaacaagaa	cctcatgcca	cctcttctag	1500
	tggtgcagac	cctggcccac	aactccacag	ccacactctc	cgatcatcagg	gactacctgg	1560
	tccaaaaact	acagaaacag	agccagcaga	ttgcacagga	tgagctgcgg	gtgcggcggt	1620
	accgagagga	gaccacccgt	atccgccagg	agatccaaga	gctcaaggcc	agtcctaaga	1680
45	ttttccaaaa	gaccaagtgc	agcatctgta	acagtgcctt	ggagttgccc	tcagtccact	1740

```

tccctgtgtgg ccactccttc caccaacact gctttgagag ttactcggaa agtgatgctg 1800
actgccccac ctgcctccct gaaaaccgga aggtcatgga tatgatccgg gccaggaac 1860
agaaacgaga tctccatgat caattccagc atcagctcaa gtgctccaat gacagctttt 1920
ctgtgattgc tgactacttt ggcagagggtg ttttcaacaa attgactctg ctgaccgacc 1980
5 ctcccacagc cagactgacc tccagcctgg aggctgggct gcaacgcgac ctactcatgc 2040
actccaggag gggcacttaa gcagcctgga ggaagatgtg ggcaacagtg gaggaccaag 2100
agaacagaca caatgggacc tggcgggcg ttacacagaa ggctggctga catgccagg 2160
gctccactct catctaattgt cacagccctc acaagactaa agcggaactt tttcttttcc 2220
ctggccttcc ttaattttta gtcaagcttg gcaatccctt cctctttaac taggcagggtg 2280
10 ttagaatcat ttccagatta atggggggga aggggaacct caqgcaaacc tcctgaaqtt 2340
ttggaaaaaa aagctggttt c

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

15

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 179 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21:

aggtgttaga tgctcttgaa aaagaaactg catctaagct gtcagaaatg gattctttta 60
 acaatcaact aaaggaactg agagaaacct acaacacaca gcagtttagcc cttgaacagc 120
 5 tttataagat caacgtgaca agttgaagga aattgaaag aaaaaattag aactaatgc

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 905 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22:

tttttttttt ttctttaacc gtgtggtctt tatttcagtg ccagtggttac agatacaaca 60

```

    caaatgttcc agttagaagg aattcaaacg gaatgccaag gtccaagcca ggctcaagaa 120
    ataaaaaggg aggtttggag taatagataa gatgactcca atactcactc ttcctaaggg 180
    caaagggtact ttgatacag agtctgatct ttgaaactgg tgaactcctc ttccacccat 240
    taccatagtt caaacaggca agttatgggc ttaggagcac tttaaaattt gtggtgggaa 300
5   tagggtcatt aataactatg aatataatct ttagaagggt accattttgc actttaaaagg 360
    gaatcaattt tgaaaatcat ggagactatt catgactaca gctaaagaat ggcgagaaag 420
    gggagctgga agagccttgg aagtttctat tacaaataga gcaccatata cttcatgcca 480
    aatctcaaca aaagctcttt ttaactccat ctgtccagtg tttacaaata aactcgcaag 540
    gtctgaccag ttcttggtta caaacataca tgtgtgtgtc tgtgtgtata cagcaatgca 600
10  cagaaaaggg taccaggagc ctaatgcctc tttcaaactc tgggggaacc agtagaaaaa 660
    ggcagggtct cctaattgtc attattacat ttccattccg aatgccagat gttaaaagtg 720
    cctgaagatg gtaaccacag tagtgaggaa taaatacccc accttgccca gtccacagag 780
    aaacaacagt agaaagaagg ggcaactctt tgctgcagag acaaagtgag tgttttttcg 840
    ccatggattg cagtcctctc ctccagacca gctgcttatt tcttcagggg cccagggaat 900
15  gttga

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 213 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23:

```

5  ggtctcttctt ttcctttttt tttttccaaa agtggttcttt tattttctagt aacatatatt 60
   gtataaatac tctattttat atgcacttcc acaaaagcga tataatttaa aagttttttt 120
   cattagaaat aaatgtataa aaataaatat gttattatag gcattttatta ctaactatag 180
   tccttcttgg aaggaacacc caaaccaata cttataaagt acatgtaatt tatagtaaca 240
   tattttacta tatacatatg gaaaaaatca tattctcaca gaagagctga acagacattc 300
10 accaggatac gactgttgga ccagctgctg gagatggacc tgctaccctt cagcagcctc 360
   cccaccacaa gacaagtgat ctcaatgtcc ccaaacctgt gggaccctgt tctacacacc 420
   tcatttttgt tccggcggtt catcctcctt gtgtgattgt actgattttc atgagacaca 480
   agttacttct ttacatccat attcccaaag cagggttaca tggtaggaaa gaaaggaagt 540
   tggagggtact aagctcattg tgtctcctct agctttttacc agcatcctaat gcttcactgc 600
15 tttttttcca ttgtagactt taatgcactt gaataaatac atggagttgt tttttcctca 660
   aaatgaatta cacaaataaa gactgagatg gtccaaaaaa ggaaagagga agccatttgc 720
   gttatttcac gttgctgagc ctttctctca tgttgaacaa tctgaagttt taattctcgg 780
   tagaaataat gtataaacat tctctgaaac catagcagcc ataaacagtg ctggtcaaag 840
   atcctatttg tactcctttc tccccccatt gttagtggag taaagtaaaa caggtcttag 900
20 taaaatctca cttttctcct acttttcatt tcccaacccc catgatacta agtatttgat 960
   aagtaccagg aaacaggggt tgtaatatgt ctaacttttt ttgacaattg ctttgttttt 1020
   tctaaacttg taatagatgt aacaaaagaa ataataataa taatgcccgg ggctttatta 1080
   tgctatatca ctgctcagag gttaataatc ctactaact atcctatcaa atttgcaact 1140
   ggcagtttac tctgatgatt caactccttt tctatctacc ccataatcc caccttactg 1200
25 atacacctca ctggttactg gcaagatacg ctggatccct ccagccttct tgctttccct 1260
   gcaccagccc ttctcactt tgccttgccc tcaaagctaa caccacttaa accacttaac 1320
   tgcaattctgc cattgtgcaa aagtctatga aatgttttagg tttcttttaa ggatcacagc 1380
   tctcatgaga taacacccct ccatcatggg acagacactt caagcttctt tttttgtaac 1440
   ccttcccaca ggtcttagaa catgatgacc actccccag ctgccactgg gggcagggat 1500
30 ggtctgcaca aggtctgggt ctggctggct tcacttcctt tgcacactcg gaagcaggct 1560
   gtccattaat gtctcgcat tctaccagtc ttctctgcca acccaattca catgacttag 1620
   aacattcgcc ccactcttca atgacccatg ctgaaaaagt ggggatagca ttgaaagatt 1680
   ccttcttctt ctttacgaag taggtgtatt taatttttagg tcgaagggca ttgcccacag 1740
   taagaacctg gatggtcaag ggctctttga gagggctaaa gctgcgaatt ctttccaatg 1800
35 ccgcagagga gccgctgtac ctcaagacaa cacctttgta cataatgtct tgctctaagg 1860
   tggacaaagt gtagtcacca ttaagaatat atgtgccatc agcagctttg atggcaagaa 1920
   agctgccatt gttcctggat cccctctggg tccgctgttt cacttcgatg ttggtggctc 1980
   cagttggaat tgtgatgata tcatgatatc caggttttgc actagtaact gatcctgata 2040
   tttttttaca agtagatcca tttccccgc aaacaccaca tttatcaaac ttctttttgg 2100
40 agtctatgat gcgatcacia ccagctttta caca

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1626 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

15

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24:

20

25

30

35

40

ggacaatttc	tagaatctat	agtagtatca	ggatatat	tgctttaaaa	tatatatttgg	60
ttattttgaa	tacagacatt	ggctccaaat	tttcatcttt	gcacaatagt	atgacttttc	120
actagaactt	ctcaacattt	gggaactttg	caaatatgag	catcatatgt	gttaaggctg	180
tatcatttaa	tgctatgaga	tacattgttt	tctccctatg	ccaaacaggt	gaacaaacgt	240
agttgttttt	tactgatact	aaatgtttggc	tacctgtgat	tttatagtat	gcacatgtca	300
gaaaaaggca	agacaaatgg	cctcttgtac	tgaatacttc	ggcaaactta	ttgggtcttc	360
attttctgac	agacaggatt	tgactcaata	tttgtagagc	ttgcgtagaa	tggtattacat	420
ggtagtgatg	cactggtaga	aatgggtttt	agttattgac	tcagaattca	tctcaggatg	480
aatcttttat	gtctttttat	tgtaagcata	tctgaattta	ctttataaaag	atggtttttag	540
aaagctttgt	ctaaaaat	ggcctaggaa	tggttaacttc	attttccagtt	gccaaaggggt	600
agaaaaataa	tatgtgtgtt	gttatgttta	tggttaacata	ttattaggta	ctatctatga	660
atgtatttaa	atatttttca	tattctgtga	caagcattta	taatttgcaa	caagtggagt	720
ccatttagcc	cagtgggaaa	gtcttggaac	tcagggttacc	cttgaaggat	atgctggcag	780
ccatctcttt	gatctgtgct	taaactgtaa	tttatagacc	agctaaatcc	ctaacttgga	840
tctggaatgc	attagttatg	ccttgtagca	ttcccagaat	ttcaggggca	tcgtgggttt	900
ggcttagtga	ttgaaaacac	aagaacagag	agatccagct	gaaaaagagt	gatcctcaat	960
atcctaacta	actgggtcctc	aactcaagca	gagtttcttc	actctggcac	tgtgatcatg	1020
aaacttagta	gaggggattg	tgtgtat	atacaaattt	aatacaatgt	cttacattga	1080
taaaattctt	aaagagcaaa	actgcatttt	atctctgcat	ccacattcca	atcatattag	1140
aactaagata	tttatctatg	aagatatataa	tggtgcagag	agactttcat	ctgtggattg	1200
cgttggttct	taggggttcct	agcactgatg	cctgcacaag	catgtgatat	gtgaaataaa	1260
atggattctt	ctatagctaa	atgagttccc	tctggggaga	gttctgggtac	tgcaatcaca	1320

```

atgccagatg gtgttttatgg gctatttgtg taagtaagtg gtaagatgct atgaagtaag 1380
tgtgtttggt ttcattcttat ggaaactctt gatgcatgtg cttttgtatg gaataaattt 1440
tggtgcaata tgatgtcatt caactttgca ttgaattgaa ttttggttgt atttatatgt 1500
attatacctg tcacgcttct agttgcttca accattttat aaccattttt gtacatatatt 1560
5 tacttgaaaa tatttttaa at ggaaatttaa ataaacattt gatagtttac ataataaaaa 1620
aaaaaa

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1420 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25:

```

35 gttcagcatt gtttctgctt ctgaaatctg tatagtagac tggtttgtaa tcattatgtc 60
ttcattgaaa tccttgctac ttctcttctt cctcaatgaa agacacgaga gacaagagcg 120

```

```

acacaagctt aagaaaaacg agcaaggaag agtatcttca ttattctcat tttctctgag 180
ttggaaacaa aaacatgaag gactccaact agaagacaga tattttacatt taaatagatt 240
agtgggaaaa ctttaagagt ttccacatat tagttttcat tttttgagtc aagagactgc 300
tccttggtact gggagacact agtagtatat gtttgtaatg ttactttaaa attatctttt 360
5  tattttataa ggcccataaa tactgggttaa actctgttaa aagtgggcct tctatcttgg 420
atggtttcac tgccatcagc catgctgata tattagaaat ggcattcccta tctacttact 480
ttaatgctta aaattataca taaaatgctt tatttagaaa acctacatga tacagtgggtg 540
tcagccttgc catgtatcag tttcacttga aatttgagac caattaaatt tcaactgttt 600
aggggtggaga aagagggtact ggaaaacatg cagatgagga tatcttttat gtgcaacagt 660
10 atccttttga tgggaggaga gttactcttg aaaggeagge agettaagtg gacaatgttt 720
tgtatatagt tgagaatttt acgacacttt taaaaattgt gtaattgtta aatgtccagt 780
tttgctctgt tttgcctgaa gtttttagtat ttgttttcta ggtggacctc tgaaaaccaa 840
accagtacct ggggagggtta gatgtgtgtt tcaggccttg agtgtatgag tgggttttgct 900
tgtattttcc tccagagatt ttgaacttta ataattgcgt gtgtgttttt ttttttttaa 960
15 gtggccttgt ttttttttct caagtaaaat tgtgaacata tttcctttat aggggcaggg 1020
catgagttag ggagactgaa gagtattgta gactgtacat gtgccttctt aatgtgtttc 1080
tcgacacatt ttttttcagt aacttgaaaa ttcaaaaggg acatttggtt aggttactgt 1140
acatcaatct atgcataaat ggcagcttgt tttcttgagc cactgtctaa attttgtttt 1200
tatagaaatt ttttatactg attgggttcac agatgggtcag ttttgtagac agactgaaca 1260
atacagcact ttgccaaaaa tgagtgtagc attgttttaa cattgtgtgt taacacctgt 1320
tctttgtaat tgggttgtgg tgcattttgc actacctgga gttacagttt tcaatctgtc 1380
agtaataaaa gtgtccttta acttcaaaaa aaaaaaaaaa

```

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 689 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

30 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

~~(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26:~~

```

10 aaacaaacaa aaaaaaagtt agtactgtat atgtaaatac tagctttttca atgtgctata 60
   caaacaatta tagcacatcc ttcctttttac tctgtctcac ctccttttagg tgagtacttc 120
   cttaaataag tgctaaacat acatatacgg aacttgaaag ctttggttag ccttgcccta 180
   ggtaatcagc ctagttttaca ctgtttccag ggagtagttg aattactata aaccattagc 240
   cacttgcttc tgcaccattt atcacaccag gacagggctc ctcaacctgg gcgctactgt 300
   catttggggc caggtgattc ttccttgcaa gggctgtcct gtacctgccc gggcgggccgc 360
   tcgaagcgtg gtcgcggccg aggtactgaa aggaccaagg agctctggct gccctcagga 420
   attccaaatg accgaaggaa caaagcttca gggctctggg tgggtgtctcc cactattcag 480
   gaggtggtcg gaggtaacgc agcttcattt cgtccagtcc tttccagtat ttaaagttgt 540
   tgtcaagatg ctgcattaaa tcaggcaggt ctacaaaggc atcccaagca tcaaacaatgt 600
20 ctgtgatgaa gtaatcaatg aaacaccgga acctccgacc acctcctgaa tagtgggaga 660
   cacaccaga gcctgaagtt tgtccttcg

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 471 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27:

10

```
tcccagcggc atgaagtttg agattggcca ggccctgtac ctgggcttca tctccttcgt 60
ccctctcgct cattggtggc accctgcttt gcctgtcctg ccaggacgag gcaccctaca 120
agccctaacc caggccccgc ccagggccac cagcaccact gcaaacaccg cacctgccta 180
ccagccacca gctgcctaca aagacaatcg ggccccctca gtgacctcgg ccaccacagc 240
15 gggtagaggc tgaacgacta cgtgtgagtc cccacagcct gcttctcccc tgggctgctg 300
tgggctggtt cccggcggga ctgtcaatgg aggcaggggt tccagcaca agtttacttc 360
tgggcaattt ttgtatccaa ggaaataatg tgaatgcgag gaaatgtctt tagagcacag 420
ggacagaggg ggaaataaga ggaggagaaa gctctctata ccaaagactg a
```

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 929 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28:

10

```

ggtgaactca gtgcattggg ccaatgggtc gacacaggct ctgccagcca caaccatcct 60
gctgcttctg acggtttggc tgetggtggg ctttcccctc actgtcattg gaggcattct 120
tggaagaac aacgccagcc cttttgatgc accctgtcgc accaagaaca tcgcccgga 180
gattccaccc cagccctggt acaagtctac tgtcatccac atgactgttg gaggcttcct 240
15 gcttttcagt gccatctctg tggagctgta ctacatcttt gccacagtat ggggtcggga 300
gcagtacact ttgtacggca tcctcttctt tgtcttcgcc atcctgctga gtgtgggggc 360
ttgcatctcc attgactca cctacttcca gttgtctggg gaggattacc gctggtggtg 420
gcgatctgtg ctgagtgttg gctccaccgg cctcttcac ttcctctact cagttttcta 480
ttatgcccg cgctccaaca tgtctggggc agtacagaca gtagagttct tcggctactc 540
20 cttactcact ggttatgtct tcttcctcat gctgggcacc atctcctttt tttcttccct 600
aaagttcatc cggtatatct atgttaacct caagatggac tgagttctgt atggcagaac 660
tattgctgtt ctctcccttt cttcatgccc tgttgaactc tcctaccagc ttctcttctg 720
attgactgaa ttgtgtgatg gcattgttgc cttccctttt tccctttggg cattccttcc 780
ccagagaggg cctggaaatt ataaatctct atcacataag gattatatat ttgaactttt 840
25 taagttgcct ttagtttttg tcctgatttt tctttttaca attacaaaaa taaaatttat 900
taagaaaaag aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1775 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

35

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29:

15

	gaacgtgatg	ggaacttttg	gaggatgtct	gagaaaaatgt	ccgaagggat	tttggccaac	60
	accagaaaac	gccaatgtcc	taggaattcc	ctcccaaaat	gcttcccaaa	aaattactca	120
	ttgacaattc	aaattgcact	tggctggcgg	cagcccgggc	ggccttcagt	ccgtgtgggg	180
	cgcccgctg	gcctttctct	cgtaggactc	cccaaactcg	ttcactctgc	gtttatccac	240
20	aggataaagc	caccgctggt	acaggtagac	cagaaacacc	acgtcgtccc	ggaagcaggc	300
	cagccggtga	gacgtgggca	tggatgatg	gaaggcaaag	acgtcatcaa	tgaagggtgt	360
	gaaagccttg	taggtgaagg	ccttccaggg	cagatgtgcc	actgacttca	acttgtagtt	420
	cacaaagagc	tggggcagca	tgaagaggaa	accaaaggca	tagaccccgt	tgacgaagct	480
	gttgattaac	caggagtacc	agctcttata	tttgatatct	aggagtgaat	agacagcacc	540
25	cccagacacag	agaggggtaca	gcagggtatga	caagtacttc	atggcctgag	tatcgtactc	600
	ctcggttttc	ctctcagatt	cgctgtaagt	gccaaactga	aattcgggca	tcaggcctct	660
	ccaaaaata	gtcatcttca	atgccttctt	cactttccac	agctcaatgg	cggctccaac	720
	accgcgcggg	accagcacca	gcaggctcgt	ctgctcgtcc	agcaggaaca	gaaagatgac	780
	cacggtgctg	aagcagcgcc	agagcactgc	cttgggtggac	atgccgatca	tgctcttctt	840
30	cttcttccag	aaactgatgt	cattttttaa	ggccaggaaa	tcaaagagaa	gatggaacgc	900
	tgcgacaaa	aaggtcagcg	ccaggaagta	taagttggta	tctacaaaaa	ttcctttcac	960
	ctcatcagca	tctttctctg	aaaaccgcaa	ctgctgcagg	gagtacacgg	cgtcctgcat	1020
	gtggatccag	aagcgcagcc	gccccagtga	gaccttgtcg	taggacacgg	tgaggggcag	1080
	ctcggtggtg	gagcggttta	tgaccatcag	gtccttcacg	cggttgctga	gctggtcgat	1140
35	gaacaggatg	ggcaggtaat	gcacggtttt	ccccagctgg	atcatcttca	tgtaccgatg	1200
	cacatcggca	ggcagggagg	acccgtcaaa	gacaaagtgt	tccgccatca	cgttcagcgc	1260
	cagccgcggt	cgccagtggg	acactggctc	atccagggca	ctcgtcggct	tcttctccgc	1320
	ctcgatctgc	tgtgtatcag	actccccggt	gagcagggtg	atttcttctg	gcttggggac	1380
	catgtaggtg	gtcagaggac	tgaccagggt	cacctgcttc	ccgtcgtgcc	acggcaggac	1440
40	cccagcgtga	tggaggaaga	tgtaggcata	cagcgtccca	ttgtttctcg	ttttctttgg	1500
	tacagaaaca	ttaactgtcc	tttcaaattt	ggactccaca	tcaaagtctt	ccacattcaa	1560
	gaccaggtcg	atgttggtct	cagcaccacg	gtgggacctc	gtcgtgggtg	acacgctcag	1620
	ctgcagcttg	ggccgcgcgc	ccaggtaggg	ctggatgcag	ttggcgctgc	cggagcacgg	1680
45	gcgggtgtag	acgatgccgt	acatgaccac	gcaggtgtgc	accacgtaga	ccacgaacac	1740
	gcccaccacc	aagctgggtga	aggagctgct	gcccc			

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 1546 Basenpaare
 (B) TYP: ~~Nukleinsäure~~
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN: Endothelzelle

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30:

30 aaaataagta ggaatgggca gtgggtattc acattcacta caccttttcc atttgctaata 60
 aaggccctgc caggctggga gggaattgtc cctgcctgct tctggagaaa gaagatattg 120
 acaccatcta cgggcacccat ggaactgctt caagtgacca ttctttttct tctgcccagt 180
 atttgcagca gtaacagcac aggtgtttta gaggcagcta ataattcact tgttggtact 240
 acaacaaaac catctataac aacaccaaac acagaatcat tacagaaaaa tgttggtcaca 300
 ccaacaactg gaacaactcc taaaggaaca atcaccaatg aattacttaa aatgtctctg 360
 atgtcaacag ctactttttt aacaagtaaa gatgaaggat tgaaagccac aaccactgat 420
 35 gtcaggaaga atgactccat catttcaaac gtaacagtaa caagtgttac acttccaaat 480
 gctgtttcaa cattacaaag ttccaaaccc aagactgaaa ctcagagttc aattaaaaca 540

```

acagaaatac caggtagtgt tctacaacca gatgcatcac cttctaaaac tgggtacatta 600
acctcaatac cagttacaat tccagaaaac acctcacagt ctcaagtaat aggcactgag 660
ggtggaaaaa atgcaagcac ttcagcaacc agccggtctt attccagtat tattttgccg 720
gtgggtattg ctttgattgt aataacactt tcagtatttg ttctggtggg tttgtaccga 780
5 atgtgctgga aggcagatcc gggcacacca gaaaatggaa atgatcaacc tcagtctgat 840
aaagagagcg tgaagcttct taccgttaag acaatttctc atgagtctgg tgagcactct 900
gcacaaggaa aaaccaagaa ctgacagctt gaggaattct ctccacacct aggcaataat 960
tacgcttaat cttcagcttc tatgcaccaa gcgtggaaaa ggagaaagtc ctgcagaatc 1020
aatcccgact tccatacctg ctgctggact gtaccagacg tctgtcccag taaagtgatg 1080
10 tccagctgac atgcaataat ttgatggaat caaaaagaac cccggggctc tctgtttete 1140
tcacatttaa aaattccatt actccattta caggagcgtt cctaggaaaa ggaatttttag 1200
gaggagaatt tgtgagcagt gaatctgaca gcccaggagg tgggctcgct gataggcatg 1260
actttcctta atgttttaaag ttttccgggc caagaatttt tatccatgaa gactttccta 1320
cttttctcgg tgttcttata ttacctactg ttagtattta ttgtttacca ctatgttaat 1380
15 gcagggaaaa gttgcacgtg tattattaaa tattaggtag aaatcatacc atgctacttt 1440
gtacatataa gtattttatt cctgctttcg tgttactttt aataaataac tactgtactc 1500
aataactctaa aaatactata acatgactgt gaaaatggca aaaaaa

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 750 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 25 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31:

5

```

caattgggca cccccatttt etaaaaaaat ggaaatcttg agggcaaaaa aggtgtgtct 60
aagggaagtg cctctgatgg cccaaaaacc ttcttccaaa ctagtgtagg aatggaatgg 120
atagcaaatg gatccttttt ggccctcctt ggagcatgcc ttccctatct tatccttggc 180
cccactaaag cagaacgtta cggatatttc tgtttttgcc attggatgcc tatctggcca 240
10 aacagccttt ccctaattgg aaaatgcagt cctgtttaaa acctttgatt tacgactact 300
tgtacatgct tgctcattac aattttgaca ttttttacat agtgaagacc ccaaacatat 360
cagtgaacaa tgacaagatc ataaagaaca gtatcatatt attatttagt cgcttttaca 420
gtggcaagcc aattttgaaa tatctcattt aaaactcaga ccaattcac tgagttatac 480
ttttaatagc ttcttcagca cactatttcc catgcattaa atatgataaa ataactctatc 540
actgcccatac ggtcttgtaa aaaggaagtc tgaatacaga gccacaaca ctaaaattgt 600
ttttctagct acaaagtata gcatcatcaa cacagacacg atttggaact cctgacaggt 660
ggattggaaa acggtgttta aagagaagag aacattttta cataaatgtc attaagaatc 720
ccaaaggcct tatttgtcac caccgtcccg

```

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1620 Basenpaare

25

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32:

	gcaattcccc	cctcccacta	aacgactccc	agtaattatg	tttacaaccc	attggatgca	60
10	gtgcagccat	tcataagaac	cttggtgccc	cagaaaaatc	tgtccttttt	ggtaccaaac	120
	ctgagggtctt	ttggaagata	atgtagaaaa	ccactaccta	ttgaaggcct	gttttggcta	180
	atctgtgcaa	actctgatga	tacctgcctt	atgtggattc	ttttccacac	tgctttcatt	240
	tttaagtata	aagacttaga	aaactagaat	aatgctttta	caaataatta	aaagtatgtg	300
	atgtttctggg	tttttttcctt	cttttttagaa	ccccgcctcc	atttaaaaaa	ttaaaaaaa	360
	aaaaaaaaact	tttaacattt	aaaaaataaa	aattaacaaa	atttcactta	ttccaggaca	420
	cgctggcatt	tggactcaat	gaaaagggca	cctaaagaaa	ataaggctga	ctgaatgttt	480
	tccataattt	tcacacaata	acagtcctct	tctatccagc	ttgccttcca	tttatctcta	540
	gggttagctt	ttcaggcaac	atccttggtc	attgcccaga	aagtacctga	gctatcagtg	600
	attggaatgg	cacaggaaac	cgaatcacat	gggtgccctc	cccttggttt	tcaagtatct	660
20	tggagtgttg	cacaaaaatt	aggtcatgcc	ttcagtgtct	tgttctttta	acctaccctt	720
	tgacaatcag	gtgctaata	ttgtatacta	ttaaaaccag	cacataagta	ttgtaaatgt	780
	gtgttcctcc	taggttggaa	gaaatgtctt	tccttctatc	tgggtcctgt	taaagcgggt	840
	gtcagttgtg	tcttttcacc	tcgatttgtg	aattaataga	attgggggga	gaggaaatga	900
	tgatgtcaat	taagtttcag	gtttggcatg	atcatcattc	tcgatgatat	tctcactttg	960
25	tcgcaaactc	gcccttatcg	taagaacaag	tttcagaatt	ttccctccac	tatacgactc	1020
	cagtattatg	tttacaatcc	attggatgag	tgcagcatta	taagaccttg	gtgcccagaa	1080
	aaatctgtcc	tttttggtag	caaacctgag	gtcttttggg	agataatgta	gaaaaccact	1140
	acctattgaa	ggcctgtttt	ggctaactcg	tgcaaactct	gatgatacct	gcttatgtgg	1200
	attcttttcc	acactgcttt	cattttttaag	tataaagact	tagaaaacta	gaataatgct	1260
30	tttacaata	attaaaagta	tgtgatgttc	tgggtttttt	ccttcttttt	agaaccctgt	1320
	atttaaacaa	gccttctttt	taagtcttgt	ttgaaattta	agtctcagat	cttctggata	1380
	ccaaatcaaa	aacccaacgc	gtaaaacagg	gcagtatttg	tgttccta	tttaaaaagc	1440
	tttatgtata	ctctataaat	atagatgcat	aaacaacact	tccccttgag	tagcacatca	1500
	acatacagca	ttgtacatta	caatgaaaat	gtgtaactta	agggtattat	atatataaat	1560
35	acatatatac	ctttgtaacc	tttatactgt	aaataaaaaa	gttgcttttag	tcaaaaaaaa	1620

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2968 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33:

20	gaaaaagtag	aaggaaacac	agttcatata	gaagtaaaag	aaaaccctga	agaggaggag	60
	gaggaggaag	aagaggaaga	agaagatgaa	gaaagtgaag	aggaggagga	agaggaggga	120
	gaaagtgaag	gcagtgaagg	tgatgaggaa	gatgaaaagg	tgtcagatga	gaaggattca	180
	gggaagacat	tagataaaaa	gccaaagtaa	gaaatgagct	cagattctga	atatgactct	240
	gatgatgac	ggactaaaga	agaaagggct	tatgacaaag	caaaacggag	gattgagaaa	300
	cggcgacttg	aacatagtaa	aaatgtaaac	accgaaaagc	taagagcccc	tattatctgc	360
	gtacttgggc	atgtggacac	aggggaagaca	aaaattctag	ataagctccg	tcacacacat	420
	gtacaagatg	gtgaagcagg	tggtatcaca	caacaaattg	gggccaccaa	tgttcctctt	480
	gaagctatta	atgaacagac	taagatgatt	aaaaattttg	atagagagaa	tgtacggatt	540
	ccaggaatgc	taattattga	tactcctggg	catgaatctt	tcagtaatct	gagaaataga	600
30	ggaagctctc	tttgtgacat	tgccatttta	gttgttgata	ttatgcatgg	tttgagagccc	660
	cagacaattg	agtctatcaa	ccttctcaaa	tctaaaaaat	gtcccttcac	tggtgcactc	720
	aataagattg	ataggttata	tgattggaaa	aagagtcctg	actctgatgt	ggctgtact	780
	ttaaagaagc	agaaaaagaa	tacaaaagat	gaatttgagg	agcgagcaaa	ggctattatt	840
	gtagaatttg	cacagcaggg	tttgaatgct	gctttgtttt	atgagaataa	agatccccgc	900
35	acttttgtgt	ctttggtacc	tacctctgca	catactgggtg	atggcatggg	aagtctgac	960
	taccttcttg	tagagttaac	tcagaccatg	ttgagcaaga	gacttgacac	ctgtgaagag	1020
	ctgagagcac	aggtgatgga	ggttaaagct	ctcccgggga	tgggcaccac	tatagatgtc	1080
	atcttgatca	atgggcgttt	gaaggaagga	gataacaatca	ttgttccttg	agtagaagg	1140
	cccattgtaa	ctcagattcg	aggcctcctg	ttacctcctc	ctatgaagga	attacgagtg	1200
40	aagaaccagt	atgaaaagca	taaagaagta	gaagcagctc	aggggggtaaa	gattccttgga	1260
	aaagacctgg	agaaaacatt	ggctgggtta	cccctccttg	tggcttataa	agaagatgaa	1320
	atccctgttc	ttaaagatga	attgatccat	gagttaaagc	agacactaaa	tgctatcaaa	1380
	ttagaagaaa	aaggagtcta	tgtccaggca	tctacactgg	gttccttgga	agctctactg	1440

	gaatttctga	aaacatcaga	agtgccttat	gcaggaatta	acattggccc	agtgcataaa	1500
	aaagatgtta	tgaaggcttc	agtgatgttg	gaacatgacc	ctcagtatgc	agtaattttg	1560
	gccttcgatg	tgagaattga	acgagatgca	caagaaatgg	ctgatagtgt	aggagttaga	1620
	atttttagtg	cagaaattat	ttatcattta	tttgatgcct	ttacaaaata	tagacaagac	1680
5	tacaagaaac	agaaacaaga	agaattttaag	cacatagcag	tatttccctg	caagataaaa	1740
	atcctccctc	agtacatttt	taattctcga	gatccgatag	tgatgggggt	gacggtggaa	1800
	gcaggtcagg	tgaaacaggg	gacacccatg	tgtgtcccaa	gcaaaaattt	tggtgacatc	1860
	ggaatagtaa	caagtattga	aataaaccat	aaacaagtgg	atggttgcaa	aaaaggacaa	1920
	gaagtttgtg	taaaaaataga	acctatccct	ggtgagtcac	ccaaaatggt	tggaagacat	1980
10	tttgaagcta	cagatattct	tgtagtaag	atcagccggc	agtccattga	tgactcaaaa	2040
	gactggttca	gagatgaaat	gcagaagagt	gactggcagc	ttattgtgga	gctgaagaaa	2100
	gtatttgaaa	tcatctaatt	ttttcacatg	gagcaggaac	tggagtaa	gcaataactgt	2160
	gttgtaatat	cccaacaaaa	atcagacaaa	aaatggaaca	gacgtatttg	gacactgatg	2220
	gacttaagta	tggaaggaag	aaaaataggt	gtataaaatg	ttttccatga	gaaaccaaga	2280
15	aacttacact	ggtttgacag	tggtcagtta	catgtcccca	cagttccaat	gtgcctgttc	2340
	actcacctct	cccttcccca	acccttctct	acttggctgc	tgttttaaag	tttgcccttc	2400
	cccaaatttg	gatttttatt	acagatctaa	agctctttcg	attttatact	gattaaatca	2460
	gtactgcagt	atgttgattaa	aaaaaaaaaa	gcagattttg	tgattcttgg	gacttttttg	2520
	acgtaagaaa	tacttcttta	tttatgcata	ttcttccac	agtgattttt	ccagcattct	2580
	tctgccatat	gccttttaggg	cttttataaa	atagaaaatt	aggcattctg	atatttcttt	2640
	agctgctttg	tgtgaaacca	tggtgtataaa	gcacagctgg	ctgcttttta	ctgcttgtgt	2700
	agtcacgagt	ccattgta	catcacaatt	ctaaaccaa	ctaccaataa	agaaaacaga	2760
	catccaccag	taagcaagct	ctgttaggct	tccatggtta	gtggtagctt	ctctcccaca	2820
	agttgtcctc	ctaggacaag	gaattatctt	aacaaactaa	actatccatc	acactacctt	2880
25	ggtatgccag	cacctgggta	acagtaggag	attttataca	ttaatctgat	ctgtttaatc	2940
	tgatcggttt	agtagagatt	ttatacat				

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 899 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

35

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34:

10

```

aaattttaaag accctccccc gaatcaatac ttctctggat ttgggttaact gcgtcatgta 60
tttaagggag gcaccgaaag ccatcatgac tgggtgtgct ttgaaacaca ctatgttgca 120
tagttgctgg ccaacagcat cttctttgct gacctatatg ttcatttttc cagatcaacc 180
ttttcggcct tccttgtccc gcaataacag cgtacctaat tactgcaaaa atgatgaagg 240
15 ggatatattc ctggcagctg agccctggaa ccctgacgtt tgtaccagct gcatctgcat 300
tgatagcgta attagctgtt tctctgagtc ctgcccttct gtatcctgtg aaagacctgt 360
cttgagaaaa ggccagtgtt gtccctactg cataaaagac acaattccaa agaaggtggt 420
gtgccacttc agtgggaagg cctatgccga cgaggagcgg tgggaccttg acagctgcac 480
ccactgctac tgcctgcagg gccagaccct ctgctcgacc gtcagctgcc cccctctgcc 540
20 ctgtgttgag cccatcaacg tggaaggaag ttgctgcca atgtgtccag aaatgtatgt 600
cccagaacca accaatatac ccattgagaa gacaaaccat cgaggagagg ttgacctgga 660
ggttcccctg tggcccacgc ctagtgaaaa tgatatcgtc acatctccct agagatatgg 720
gtcacctgcc aggtagatta cagagataac aggctgcacc caagtgaaga ttcttctactg 780
gactccattg cctcagttgt ggttcccata attatatgcc tctctattat aatagcattc 840
25 ctattcatca atcagaagaa acagtggata ccactgcttt gctgggatcg aacaccaac

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 716 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35:

```

15 gcagtacctg gagtgtcctg cagggggaaa gccaaccggg ccctgaagtc cggggcagtc 60
   acccggggct cctgggccgc tctgccgggc tggggctgag cagcgatcct gctttgtccc 120
   agaagtccag agggatcagc ccagaacac accctcctcc ccgggacgcc gcagctttct 180
   ggaggctgag gaaggcatga agagtgggct ccacctgctg gccgactgag aaaagaattt 240
   ccagaactcg gtcctatttt acagattgag aaactatggt tcaagaagag aggacggggc 300
20 ttgagggaat ctcttgattc tccttatatg acctcaaact gaccatacta aacagtgtag 360
   aaggctcttt taaggctcta aatgtcaggg tctcccaccc cctgatgcct gacttgtaga 420
   gtcagtgtgg agtagacggg ttcctccacc caggggtgac tcagggggat gatctgggtc 480
   ccattctggg cttaagaccc caaacaaggg ttttttcagc tccaggatct ggagcctcta 540
   tctggttagt gtcgtaacct ctgtgtgcct cccgttacct catctgtcca gtgagctcag 600
25 ccccatcca cctaacaggg tggccacagg gattactgag ggtaagacc ttagaactgg 660
   gtctagcacc cgataagagc tcaataaatg ttgttccttt ccacatcaaa aaaaaa

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 395 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

35

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36:

15

ccaatacttc attcttcatt ggtggagaag attgtagact tctaagcatt ttccaaataa 60
 aaaagctatg atttgatttc caacttttaa acattgcatg tcctttgcca ttactacat 120
 tctccaaaaa aaccttgaaa tgaagaaggc cacccttaaa atacttcaga ggctgaaaat 180
 20 atgattatta cattggaatc ctttagccta tgtgatattt ctttaacttt gcactttcac 240
 gccagtaaa accaaagtca gggtaaccaa tgtcatttta caaaatgtta aaaccctaata 300
 tgcagttcct tttttaaat attttaaaga ttacttaaca acattagaca gtgcaaaaaa 360
 agaagcaagg aaagcattct taattctacc atcct

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 134 Basenpaare

30

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

35

hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37:

15

```
cctcgcgagcg gccgcccggg caggtacttt taccaccgaa ttgttcactt gactttaaga 60
aaccataaaa gctgcctggc tttcagcaac aggcctatca acaccatggt gagtctccat 120
aaggacaccc gtgt
```

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

25

(A) LÄNGE: 644 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38:

15 aagcctgttg tcatggggga ggtggtggcg cttggtggcc actggcggcc gaggtagagg 60
 cagtggcgct tgagttggtc gggggcagcg gcagatttga ggcttaagca acttcttccg 120
 gggaagagtg ccagtgcagc cactgttaca attcaagatc ttgatctata tccatagatt 180
 ggaatatttg tgggccagca atcctcagac gcctcactta ggacaaatga ggaaactgag 240
 gcttggtgaa gttacgaaac ttgtccaaaa tcacacaact tgtaaagggc acagccaaga 300
 20 ttcagagcca ggctgtaaaa attaaaatga acaaattacg gcaaagtttt aggagaaaga 360
 aggatgttta tgttccagag gccagtcgtc cacatcagtg gcagacagat gaagaaggcg 420
 ttcgcaccgg aaaatgtagc ttcccggtta agtaccttgg ccatgtagaa gttgatgaat 480
 caagaggaat gcacatctgt gaagatgctg taaaaagatt gaaagctgaa aggaagttct 540
 tcaaaggctt ctttggaana actggaaaga aagcagttaa agcagtttct gtgggtctaa 600
 25 gcagatggac tcagaggttg tggatgaaaa actaaggacc tcat

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

30 (A) LÄNGE: 657 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39:

15

ctttttggtt gggttttcca atgtagatgt ctcagtga aa tgtgcagata tactttgttc 60
cttataatggt caccagtgtt aattatggac aaatacatta aaacaagggt tcctggccca 120
gcctcccatc taatctcttt gatactcttg gaatctaagt ctgaggagcg atttctgaat 180
tagccagtgt tgtaccaact ttctgttagg aattgtatta gaataacctt tctttttcag 240
20 acctgctcag tgagacatct tggggaatga agtaggaaaa tagacatttg gtggaaaaac 300
agcaaaatga gaacattaaa aagactcatt caagtatgag tataaagggc atggaaattc 360
tggtcctttg agcaaaatga gaagaaaaaa ttctgctcag cagtattcac tgtgttaaga 420
ttttttggtt tttacacgaa tggaaaaatg atgtgtaagt ggtatagatt ttaatcagct 480
aacagtcact ccagagattt tgatcagcac caattcctat agtagtaagt atttaaaagt 540
25 taagaaatac tactacattt aacattataa agtagagttc tggacataac tgaaaattag 600
atgtttgctt caatagaaat ttgttcccac ttgtattttc aacaaaatta tcggaac

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1328 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

35

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

~~(iii) ANTI-SENSE: NEIN~~

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40:

	acaatttttaa	aataactagc	aattaatcac	agcatatcag	gaaaaagtac	acagtgagtt	60
20	ctgggttagtt	tttgtaggct	cattatgggt	agggtcgtta	agatgtatat	aagaacctac	120
	ctatcatgct	gtatgtatca	ctcattccat	tttcatgttc	catgcatact	cgggcatcat	180
	gctaatatgt	atccttttaa	gcactctcaa	ggaaacaaaa	gggcctttta	tttttataaa	240
	ggtaaaaaaa	attccccaaa	tattttgcac	tgaatgtacc	aaagggtgaag	ggacattaca	300
	atatgactaa	cagcaactcc	atcacttgag	aagtataata	gaaaatagct	tctaaatcaa	360
	acttccttca	cagtgccgtg	tctaccacta	caaggactgt	gcatctaagt	aataattttt	420
	taagattcac	tatatgtgat	agtatgatat	gcattttatt	aaaatgcatt	agactctctt	480
	ccatccatca	aatactttac	aggatggcat	ttaatacaga	tatttcgtat	ttccccact	540
	gctttttatt	tgtacagcat	cattaaacac	taagctcagt	taaggagcca	tcagcaacac	600
	tgaagagatc	agtagtaaga	attccatttt	ccctcatcag	tgaagacacc	acaaattgaa	660
30	actcagaact	atatttctaa	gcctgcattt	tcactgatgc	ataattttct	tagtaatat	720
	aagagacagt	ttttctatgg	catctccaaa	actgcatgac	atcactagtc	ttacttctgc	780
	ttaattttat	gagaaggat	tcttcatttt	aattgctttt	gggattactc	cacatctttg	840
	tttattttct	gactaatcag	attttcaata	gagtgaagtt	aaattggggg	tcataaaagc	900
	attggattga	catatggttt	gccagcctat	gggtttacag	gcattgcccc	aacattttct	960
35	tgagatctat	atttataagc	agccatggaa	ttcctattat	gggatgtttg	caatcttaca	1020
	ttttatagag	gtcatatgca	tagttttcat	aggtgttttg	taagaactga	ttgctctcct	1080
	gtgagttaag	ctatgtttac	tactgggacc	ctcaagagga	ataccactta	tgttacactc	1140
	ctgcactaaa	ggcacgtact	gcagtgtgaa	gaaatgttct	gaaaaagggg	tatagaaatc	1200
	tggaaataag	aaaggaagag	ctctctgtat	tctataattg	gaagagaaaa	aaagaaaaac	1260
40	ttttaactgg	aaatgttagt	ttgtacttat	tgatcatgaa	tacaagtata	tattttaattt	1320
	tgaaaaaa						

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 987 Basenpaare

5 (B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41:

25

```

aacagagact ggcacaggac ctcttcattg caggaagatg gtagtgtagg caggtaacat 60
tgagctcttt tcaaaaaagg agagctcttc ttcaagataa ggaagtggta gttatggtgg 120
taacccccgg ctatcagtcg ggatggttgc caccctctct gctgtaggat ggaagcagcc 180
30 atggagtgga agggaggcgc aataagacac ccctccacag agcttggcat catgggaagc 240
tggttctacc tcttcctggc tcctttggtt aaaggcctgg ctgggagcct tccttttggg 300
tgtctttctc ttctccaacc aacagaaaag actgctcttc aaaggtggag ggtcttcatg 360
aaacacagct gccaggagcc caggcacagg gctgggggcc tggaaaaagg agggcacaca 420
ggaggaggga ggagctggta gggagatgct ggctttacct aaggtctcga aacaaggagg 480
35 gcagaatagg cagaggcctc tccgtcccag gcccatTTTT gacagatggc gggacggaaa 540
tgcaatagac cagcctgcaa gaaagacatg tgttttgatg acaggcagtg tggccgggtg 600
gaacaagcac aggccttgga atccaatgga ctgaatcaga accctaggcc tgccatctgt 660

```



```

cagccgggtg acctgggtca attttagcct ctaaaagcct cagtctcctt atctgcaaaa 720
tgaggcttgt gatacctgtt ttgaagggtt gctgagaaaa ttaaagataa gggatatcaa 780
aatagtctac ggccatacca ccctgaacgt gcctaattctc gtaagctaag cagggtcagg 840
cctgggttagt acctggatgg ggagagtatg gaaaacatac ctgcccgcag ttggagttgg 900
5 actctgtctt aacagtagcg tggcacacag aaggcactca gtaaatactt gttgaataaa 960
tgaagtagcg atttggtgtg aaaaaaa

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 956 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42:

```

35 cggacgggtgg ggcggacgcg tgggtgcagg agcagggcgg ctgccgactg ccccaaccaa 60
ggaaggagcc cctgagtcgg cctgcgccctc catccatctg tccggccaga gccggcatcc 120

```

```

ttgcctgtct aaagccttaa ctaagactcc cgccccgggc tggccctgtg cagaccttac 180
tcaggggatg tttacctggt gctcgggaag ggaggggaag gggccgggga gggggcacgg 240
caggcgtgtg gcagccacac gcaggcggcc agggcggcca gggacccaaa gcaggatgac 300
cacgcacctc cacgccactg cctcccccca atgcatttgg aaccaaagtc taaactgagc 360
5  tcgcagcccc cgcgccctcc ctccgcctcc catcccgctt agcgcctctg acagatggac 420
gcaggccctg tccagccccc agtgcgctcg ttccgggtccc cacagactgc cccagccaac 480
gagattgctg gaaaccaagt caggccaggt gggcggacaa aaggggcagg tgcggcctgg 540
ggggaacgga tgctccgagg actggactgt ttttttcaca catcgttgcc gcagcggtag 600
gaaggaaagg cagatgtaaa tgatgtgttg gtttacaggg tatatttttg ataccttcaa 660
10 tgaatttaatt cagatgtttt acgcaaggaa ggaettaeee agtattactg ctgctgtgct 720
tttgatctct gcttacggtt caagaggcgt gtgcaggccg acagtcgggtg accccatcac 780
tcgcaggacc aagggggcgg ggactgctgg ctcacgcccc gctgtgtcct ccctcccctc 840
ccttccttgg gcagaatgaa ttcgatgcgt attctgtggc cgccatctgc gcagggtggt 900
ggtattctgt catttacaca cgtcgttcta attaaaaagc gaattatact ccaaaa

```

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 536 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 25 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN: Endothelzelle

35

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43:

	aaataaacac	ttccataaca	ttttgttttc	gaagtctatt	aatgcaatcc	cacttttttc	60
5	cccctagttt	ctaaatgtta	aagagagggg	aaaaaaggct	caggatagtt	ttcacctcac	120
	agtgttagct	gtcttttatt	ttactcttgg	aaatagagac	tccattaggg	ttttgacatt	180
	ttgggaaccc	agttttacca	ttgtgtcagt	aaaacaataa	gatagtttga	gagcatatga	240
	tctaaataaa	gacatttgaa	gggttagttt	gaattctaaa	agtaggtaat	agccaaatag	300
	cattctcatc	ccttaacaga	caaaaactta	tttgtcaaaa	gaattagaaa	aggtgaaaat	360
10	atTTTTTcca	gatgaaactt	gtgccacttc	caattgacta	atgaaataca	aggagacaga	420
	ctggaaaaag	tgggttatgc	cacctttaaa	accctttctg	gtaaatatta	tggtagctaa	480
	agggtggttt	ccccggcacc	tggacctgga	caggtagggt	tccgtggtta	accagt	

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1630 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

20 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44:

```
5  ggggagggac gagtatggaa ccctgaaggt agcaagtcca ggcactggcc tgaccatccg 60
   gctccctggg caccaagtcc caggcaggag cagctgtttt ccatcccttc ccagacaagc 120
tctattttta teacaatgac ctttagagag gtetcccagg ceageteaag gtgtcccact 180
   atccccctctg gagggaagag gcaggaaaat tctccccggg tccctgtcat gctactttct 240
   ccatcccagt tcagactgtc caggacatct tatctgcagc cataagagaa ttataaggca 300
10  gtgatttccc ttaggccag gacttgggcc tccagctcat ctgttccttc tgggccatt 360
   catggcaggt tctgggctca aagctgaact ggggagagaa gagatacaga gctaccatgt 420
   gactttacct gattgccctc agtttggggt tgcttatttg gaaagagaga gacaaagagt 480
   tacttgttac gggaaatatg aaaagcatgg ccaggatgca tagaggagat tctagcaggg 540
   gacaggattg gctcagatga cccctgaggg ctcttccagt cttgaaatgc attccatgat 600
15  attaggaagt cgggggtggg tgggtggtgg gggctagtgt gggttgaatt taggggccga 660
   tgagcttggg tacgtgagca ggggtgtaag ttagggctct cctgtatttc tgggtcccct 720
   ggaaatgtcc ccttcttcag tgtcagacct cagtcccagt gtccatatcg tgcccagaaa 780
   agtagacatt atcctgcccc atcccttccc cagtgcactc tgacctagct agtgcctggg 840
   gcccagtgac ctgggggagc ctggctgcag gccctcactg gttccctaaa ccttggtggc 900
20  tgtgattcag gtccccagg gggactcagg gaggaatatg gctgagttct gtagtttcca 960
   gagttggctg gtagagcctt ctagaggttc agaataatag cttcaggatc agctgggggt 1020
   atggaattgg ctgaggatca aacgtatgta ggtgaaagga taccaggatg ttgctaaagg 1080
   tgagggacag tttgggtttg ggacttacca gggatgatgt agatctggaa cccccaagt 1140
   aggctggagg gagttaagg cagtatggaa gatagggttg ggacagggtg ctttggaatg 1200
25  aaagagtgac cttagagggc tccttgggcc tcaggaatgc tcctgctgct gtgaagatga 1260
   gaagggtgct ttactcagtt aatgatgagt gactatattt accaaagccc ctacctgctg 1320
   ctgggtccct tgtagcacag gagactgggg ctaagggcc cctcccaggga agggacacca 1380
   tcaggcctct ggctgaggca gtagcataga ggatccattt ctacctgcat tcccagagg 1440
   actagcagga ggcagccttg agaaaccggc agttcccaag ccagcgcctg gctgttctct 1500
30  cattgtcact gccctctccc caacctctcc tctaaccac tagagattgc ctgtgtcctg 1560
   cctcttgccct cttgtagaat gcagctctgg ccctcaataa atgcttcctg cattcatctg 1620
   caaaaaaaaa
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 169 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

40 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:

~~(A) ORGANISMUS: MENSCH~~

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45:

15

```
tcttttgctt ttagcttttt atttttgtat taacaggagt cttattacac ataggtctga 60
taaaactggt ttatgatcct cagtctgatt ccagtgctgc ataactagat aacgtatgaa 120
ggaaaaacga cgacgaacaa aaaagtaagt gcttggaaga cttagttga
```

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 769 Basenpaare

25 (B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46:

tgcagggtcat atttactatc ggcaataaaa ggaagcaaag cagtattaag cagcgggtgga 60
 atttgtcgct ttcacttttt ataaagtgtc acataaaatg tcatatttcc aaatttataa 120
 15 acataactcc agttcttacc atgagaacag catggtgatc acgaaggatc ttcttgaaaa 180
 aaacaaaaac aaaaacaaaa aacaatgatc tcttctgggt atcacatcaa atgagataca 240
 aagggtgtact aggcaatctt agagatctgg caacttattt tatatataag gcatctgtga 300
 ccaagagacg ttatgaatta aatgtacaaa tgtattatgt ataaatgtat taaatgcaag 360
 cttcatataa tgacaccaat gtctctaagt tgctcagaga tcttgactgg ctgtggccct 420
 20 ggccagctcc tttcctgata gtctgattct gccttcatat ataggcagct cctgatcatc 480
 catgccagtg aatgagaaaa caagcatgga atatataaac tttaacatta aaaaatgttt 540
 tattttgtaa taaaatcaaa tttcccattg aaaccttcaa aaactttgca gaatgagggt 600
 ttgatataatg tgtacaagta gtaccttctt agtgcaagaa aacatcatta tttctgtctg 660
 cctgcctttt tgttttttaa aatgaagact atcattgaaa caagtttgtc ttcagtatca 720
 25 ggacatgttg acggagagga aaggtaggaa agggtaggg atagaagcc

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2529 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47:

15

20

25

30

35

40

45

```

tttagttcat agtaatgtaa aaccatttgt ttaattctaa atcaaatacac tttcacaaca 60
gtgaaaatta gtgactgggt aaggtgtgcc actgtacata tcatcatttt ctgactgggg 120
tcaggacctg gtcctagtc acaaggggtg caggaggagg gtggaggcta agaacacaga 180
aaacacacaa aagaaaggaa agctgccttg gcagaaggat gaggtggtga gcttgccgag 240
ggatggtggg aaggggggtc cctgttgggg ccgagccagg agtcccaagt cagctctcct 300
gccttactta gctcctggca gaggggtgagt ggggacctac gaggttcaaa atcaaattggc 360
atttggccag cctggcttta ctaacagggt ccagagtggt ctctgttggc tgagctctcc 420
tgggctcact ccatttcatt gaagagtcca aatgattcat tttcctaccc acaacttttc 480
attattcttc tggaaaccca tttctgttga gtccatctga cttaagtcct ctctccctcc 540
actagtggg gccactgcac tgaggggggt cccaccaatt ctctctagag aagagacact 600
ccagaggccc ctgcaacttt gcggatttcc agaaggtgat aaaaagagca ctcttgagt 660
ggtgcccgag aatgttttaa atctatcagg cactactata agctggtggt ttcttcctac 720
caagtggatt cggcatatga accacctact caatacttta tattttgtct gtttaaacac 780
tgaactctgg tgttgacagg taaaaggag aagagatggg gactgtgaag aggggagggc 840
ttccctcatc ttctcaaga tctttgtttc cataaactat gcagtcataa ttgagaaaaa 900
gcaatagatg gggcttccta ccatttggtg gttattgctg gggttagcca ggagcagtgt 960
ggatggcaaa gtaggagaga ggcccagagg aaagcccata tccctccagc tttgggggtct 1020
ccagaaagag gctggatttc tgggatgaag cctagaaggc agagcaagaa ctgttccacc 1080
aggtgaacag tcctacctgc ttggtaccat agtccctcaa taagattcag aggaagaagc 1140
ttatgaaact gaaaatcaaa tcaaggatatt gggaagaata atttcccctc gattccacag 1200
gagggaagac cacacaatat cattgtgctg gggtcccca aggccctgcc acctggcttt 1260
acaaatcatc aggggttgcc tgcttggcag tcacatgctt ccctggtttt agcacacata 1320
caaggagtgt tcaggaact ctatcaagcc ataccaaaat cagggtcaca tgtgggtttc 1380
ccctttcctt gcctcttcac aaaagacaac ttggcttctg aggatgggtg tcttttgcac 1440
gcagtggggc tgacctgaca aagccccag ttctctgtgg caggttctgg gagaggatgc 1500
attcaagctt ctgcagccta ggggacaggg ctgcttggtc agttattact gcctcggagc 1560
tccaaatccc accaaagtcc tgactccagg tctttcctaa tgcacagtag tcagtctcag 1620
cttcggcagt attctcggct gtatgttctc tggcagagag aggcagatga acatagtttt 1680
agggagaaag ctgatgggaa acctgtgagt taagccacat gtctcaccag gaataattta 1740
tgccaggaaa ccaggaagtc attcaagttg ttctctgagg ccaaagacac tgagcacagc 1800
ccagagccaa taaaagatct ttgagtctct ggtgaattca cgaagtgacc ccagctttag 1860

```

ctactgcaat tatgattttt atgggacagc aatttcttgc atctctacag aggaagaaga 1920
 gggggagtgg gaggggaagg aaagagaaca gagcggcact gggatttgaa aggggaacct 1980
 ctctatctga ggagccccc ctaggttcag aagcaactta ccaaggggta tttaaagaca 2040
 tgaataatttc cagaaatacc atttggtgca tccctttgtt tctgtaatat taaactcagg 2100
 5 tgaattata ctctgacagt ttctctctt ctgcctcttc cctctgcaga gtcaggacct 2160
 gcagaactgg ctgaaacaag atttcatggt gtcacccatg agagatgact caatgccaag 2220
 gcctgaagtt atagagtgtt tacagcgggtg gcgatattca ggggtcatcg ccaactggtc 2280
 tcgagttcca aagctctgat gaagaaacaa gactccttga tgtgttactg atcccactga 2340
 ttccaggagt caagattagc caggaagcca aacaccagga gttggggtgg cacgtcacca 2400
 10 ~~gtccagagcc ctgccacgga tgtacgcagg agcccagcat taggcaatca ggagccagaa 2460~~
 catgatcacc agggccacaa ataggaagag gcgtgacagg aactgctcgt ccacatacct 2520
 ggggtgtcc

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1553 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 20 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48:

	tttttttttt	tttttgattt	ctgggacaat	taagctttat	ttttcatata	tatatatatt	60
	ttcatatata	tatatacata	catatataaa	ggaaacaatt	tgcaaattta	cacacctgac	120
	aaaaccatat	atacacacat	atgtatgcat	acacacagac	agacacacac	acccgaagct	180
5	ctagccaggc	ccgttttcca	tccctaagta	ccattctctc	atttgggccc	ttctagggtt	240
	ggggccctga	gcttggtttg	tagaagtttg	gtgctaatat	aaccatagct	ttaatcccca	300
	tgaaggacag	tgtagacctc	atctttgtct	gctccccgct	gcctttcagt	tttacgtgat	360
	ccatcaagag	ggctatggga	gccaagtga	cacgggggat	tgaggcta	tcacctgaac	420
	tcgaaaacag	cgcccagctt	cctcaccgca	ggcacgcgtc	ttttcttttt	ttttcctcga	480
10	gacggagtct	cgctgtgttg	cccaggctgg	agtgcagtgg	cacgggtctcg	gctcactgca	540
	agctccacct	cctggattca	taccattctc	ctgcttcagc	cttccgagta	gctgggacta	600
	taggtgccaa	ccactacgcc	tagctaattt	ttttttgtat	tttttagtaga	gacagggttt	660
	caccgtgtta	gccaggatgg	tctcgtcctg	acttttgtat	ccgcccgcct	cggcctccca	720
	aagtgtctgg	attacaggcg	tgagccacca	cacctggccc	cggcacgtat	cttttaagga	780
15	atgacaccag	ttcctggcct	ctgaccaaag	aaaaaatgtc	acaggagact	ttgaagaggc	840
	agacaggagg	gtggtggcag	caacactgca	gctgcttctg	gatgctgctg	gggtgctctc	900
	cggagcgggt	gtgaacagcg	cacttcaaca	tgagcaggcg	cctggctccg	gtgtgtcctc	960
	acttcagtgg	tgcacctgga	tgggtggaagc	cagccttttg	ggcaggaaac	cagctcagag	1020
	aggctaccca	gctcagctgc	tggcaggagc	caggtaattt	cagccataat	gtgtgtaaag	1080
	aaaaaacacg	ttctgcaaga	aactctccta	cccgtcggg	agactggggc	tccttgcttg	1140
	ggatgagctt	cactcaacgt	ggagatggtg	gtggactggt	ccctgaaaag	cgggccttgc	1200
	agggccaaagt	gaggtcctca	ggtcctaac	ccagtggccc	tctgaaaggg	ggtgtgcagg	1260
	cgaggggagc	aggaggcttc	tctctagtcc	ctttggaggc	tttggctgag	agaagagtga	1320
	gcagggagct	gggaatggtc	caggcaggga	agggagctga	agtgattcgg	ggctaatagcc	1380
25	tcagatcgat	gtatttctct	ccctggtctc	ccggagccct	cttgtcaccg	ctgctgccct	1440
	gcaggaggcc	catctcttct	gggagcttat	ctgacttaac	ttcaactaca	agttcgctct	1500
	tacgagaccg	ggggtagcgt	gatctcctgc	ttccctgagc	gcctgcacgg	cag	

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 921 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNAs

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49:

10

ctgtggtccc agctactcag gaggetgagg cgggaggatt gcttgagccc aggagttgga 60
 tgttgcagtg agccaagatc gcaccattgc cctccactct gggccacgga gcaataccct 120
 gtctcagaaa acaaacaaca aaaagcagaa acgctgaagg ggtcggttta cgggaaaacc 180
 15 gacctgtcaga acacttggct actcctaccc cagatcagtg gacctgggaa tgagggttgg 240
 tcccggggagg cttttctcca agctgttgcc accagaccg ccatgggaac cctggccaca 300
 gaagcctccc ggggagttag ccagagcctg gaccgctgtg ctgatgtgtc tgggggtggag 360
 ggaggggtggg gagtgtgcaa ggtgtgtgt gtgcccgggg ggtgttcatt ggcaagcatg 420
 tgcgtgcctg tgtgtgtgctg tgcccctccc ctgcagccgt cgggtggtatc tccctccagc 480
 20 cccttcgcca ccttctgagc attgtctgtc cacgtgagac tgcccagaga cagcagagct 540
 ccacgtgggt ttaaggggag acctttccct ggacctgggg gtctcgccgt atctcatgac 600
 cagggtgctaa atgacccgac atgcattacc tgcccttcga tgaccaacct cctgtcccc 660
 gtcccgtga cctgcccccg tggcgtctca cggatgatgcc tgctcctgac attggtgttc 720
 actgtagcaa actacattct ggatgggaat tttcatgtac atgtgtggca tgtggaaaat 780
 25 ttcaaataaa atggacttga tttagaaagc caaaaagctg tgtggtcctt ccagcacgga 840
 tactttgacc tcttgcttac aacccttcc ttgggtccga ggctggtagc tttgttcact 900
 tcagatgggt gggggcggtt g

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 338 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50:

15

atgatctatc tagatgccct accgtaaaat caaaacacaa aaccctactg actcattccc 60
 tcccttccag atattacccc atttctctac ttcccattgt agccaaactt tccaaaaatt 120
 catgttctgt cttcatttcc tcatgttcaa cccaccctgt cttagctacc acccctcagt 180
 20 aacgacctag cctgggtaga aacaaatgtc agcatgatac cataactcaat gatccttcgt 240
 cactgttgtc attgtcatca ttccatggcc ttactttccc tctcagcgcc atttgctaca 300
 gtaagaaact ttctttcttg aattcttggt tctcttgg

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1191 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

30

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNAs

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51:

15

```

ctagcaagca ggtaaagcag ctttgtacaa acacacacag accaacaacat ccgggggatgg 60
ctgtgtgttg ctagagcaga ggctgattaa acactcagtg tgttggtctt ctgtgccact 120
cctggaaaat aatgaattgg gtaaggaaca gttaataaga aaatgtgcct tgctaactgt 180
gcacattaca acaaagagct ggcagctcct gaaggaaaag ggcttgtgcc gctgccgttc 240
20 aaacttgtca gtcaactcat gccagcagcc tcagcgtctg cctccccagc acaccctcat 300
tacatgtgtc tgtctggcct gatctgtgca tctgctcgga gacgctcctg acaagtcggg 360
aatttctcta tttctccact ggtgcaaaga gcggatttct ccctgcttct cttctgtcac 420
ccccgctcct ctccccccag aggtccttg atttatggta gctttggact tgcttccccg 480
tctgactgtc cttgacttct agaattggaag aagctgagct ggtgaaggga agactccagg 540
25 ccatcacaga taaaagaaaa atacaggaag aaatctcaca gaagcgtctg aaaatagagg 600
aagacaaact aaagcaccag catttgaaga aaaaggcctt gagggagaaa tggcttctag 660
atggaatcag cagcggaaaa gaacaggaag agatgaagaa gcaaaatcaa caagaccagc 720
accagatcca ggttctagaa caaagtatcc tcaggcttga gaaagagatc caagatcttg 780
aaaaagctga actgcaaatc tcaacgaagg aagaggccat tttaaagaaa ctaaagtcaa 840
30 ttgagcggac aacagaagac attataagat ctgtgaaagt ggaaagagaa gaaagagcag 900
aagagtcaat tgaggacatc tatgctaata tccctgacct tccaaagtcc tacatacctt 960
ctagggttaag gaaggagata aatgaagaaa aagaagatga tgaacaaaat aggaaagctt 1020
tatatgccat ggaaattaaa gttgaaaaag acttgaagac tggagaaaag acagttctgt 1080
cttccaatac ctctggccat cagatgactt taaaaggtag aggagtaaaa gtttaagatg 1140
35 atgggcaaaa gtccagtgta ttcagtaaag tgctaatacac aagttggagg t

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1200 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN: Endothelzelle

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52:

25
 30
 35
 40

aacagggact	ctcactctat	caaccccagg	ctggagtcgg	gtgcgcccac	cctggctccc	60
tgcaacctcc	gcctcccagg	ctcaagcaac	tctcctgcct	cagtcgctct	agtagctggg	120
actacaggca	cacaccacca	tgcccagcca	atTTTTgcat	TTTTTgtaga	gacagggttt	180
cgccttctgt	ccaggccggc	atcatatact	ttaaatacatg	cccagatgac	tttaataacct	240
aatacaatat	atcaggttgg	tttaaaaaata	attgcttttt	tattatTTTT	gcattttttgc	300
accaacctta	atgctatgta	aatagttggt	atactgttgc	ttaacaacag	tatgacaatt	360
ttggcttttt	ctttgtatta	ttttgtattt	TTTTTTTTta	ttgtgtgggc	TTTTTTTTtt	420
ttctcagtgt	tttcaattcc	tccttggttg	aatccatgga	tgcaaaaccc	acagatatga	480
agggtctggc	atatatgcat	tgatgattgt	cctattatat	tagttataaa	gtgtcattta	540
atatgtagtg	aaagtatatg	tacagtggaa	agagttagtg	aaaacataaa	catttggacc	600
tttcaagaaa	ggtagcttgg	tgaagttttt	caccttcaaa	ctatgtccca	gtcagggtcc	660
tgctactaat	tagctataat	ctttgcacaa	attacatcac	ctttgagtct	cagttgcctc	720
acctgtaaaa	tgaagaact	ggatactctc	taaggtcact	tccagccctg	tcattctata	780
actctgttat	gctgaggaag	aaattcacat	tgtgttaact	gtatgagtca	aactgaaaat	840
gattattaaa	gtgggaaaaa	gccaatgtgt	tctcttagaa	agctcaacta	aatttgagaa	900
gaataatctt	ttcaattttt	taagaattta	aatattttta	agggtttgac	ctattttatt	960
agagatgggg	tctcactctg	tcacccagac	tggagtagac	tggcacaaat	atagctcact	1020
gctgcctcaa	attcatgggc	tcaagtgatc	ctcctgcctc	tgccctccaga	gtagctgcga	1080

ctatgggcat gtgccaccac gcctggctaa catttgtatt gacctattta tttattgtga 1140
 tttatatctt tttttttttt tctttttttt ttttttacia aatcagaaat acttattttg 1200

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 989 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 10 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNAs

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53:

30

aagccaccac tcaaaaacttc ctatacattt tcacagcaga gacaagtga cttttatttt 60
 tatgcctttc ttcctatgtg tatttcaagt ctttttcaaa acaaggcccc aggactctcc 120
 gattcaatta gtccttgggc tggtcgactg tgcaggagtc cagggagcct ctacaaatgc 180
 agagtgactc tttaccaaca taaaccctag atacatgcaa aaagcaggac ccttcctcca 240
 35 ggaatgtgcc atttcagatg cacagcaccc atgcagaaaa gctggaattt tccttgggaac 300
 cgactgtgat agaggtgctt acatgaacat tgctactgtc tttctttttt tttgagacag 360

```

gtttcgcttg tgcccaggct gaggcgcaatg cgtgatctca ctcaactgcaa ttccacctcc 420
aggttcaagc attctcctgc tcagcctcct agtagctggg ttacaggcac tgccaccatg 480
ccggctaatt ttgtattttt gtagagatgg atttctccat ttgggtcaggc ggtctcgaac 540
cccaacctca gtgatctgcc acctcagcct cctaagtgtt ggattacagg atgagccacc 600
5 cgaccggcca ctactgtctt tctttgaccc ttccagtttc gaagataaag aggaaataat 660
ttctctgaag tacttgataa aattttccaaa caaacacat gtccacttca ctgataaaaa 720
atttaccgca gtttggcacc taagagtatg acaacagcaa taaaaagtaa tttcaaagag 780
ttaagatttc ttcagcaaaa tagatgattc acatcttcaa gtcctttttg aaatcagtta 840
ttaatattat tctttcctca tttccatctg aatgactgca gcaatagttt tttttttttt 900
10 tttttttttt ttgcgagatg gaatctcgtc ctgtcgccca gggggagtgc aetggegcaa 960
gccccgctca ccgcaatctc tgccacccg

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

15

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 250 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 54:

5 ctttccccca ttggtcctga tgttgaagat ttagtttaaag aggctgtaag tcagggttcga 60
 gcagaggcta ctacaagaag tagggaatca agtccctcac atgggctatt aaaactaggt 120
 agtgggtggag tagtgaaaaa gaaatctgag caacttcata acgtaactgc ctttcaggga 180
 aaagggcatt ctttaggaac tgcactctggt aaccacacacc ttgatccaag agctaggga 240
 acttcagttg

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2270 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

15 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55:

	gcgcccccgga	gcagcgccccg	cgccctccgc	gccttctccg	ccgggacctc	gagcgaaaaga	60
	ggccccgcgcg	ccgcccagcc	ctcgccctccc	tgcccaccgg	gcacaccgcg	ccgccacccc	120
	gacccccgctg	cgcacggcct	gtccgctgca	caccagcttg	ttggcgctct	cgctcgccgcg	180
	ctcgccccgg	gctactcctg	cgcgccacaa	tgagctcccg	catcgccagg	gcgctcgccct	240
5	tagtcgtcac	ccttctccac	ttgaccaggc	tggcgctctc	cacctgcccc	gctgcctgcc	300
	actgccccct	ggaggcgccc	aagtgcgcgc	cgggagtcgg	gctgggtccg	gacggctgcg	360
	gctgctgtaa	ggtctgcgc	aagcagctca	acgaggactg	cagcaaaacg	cagccctgcg	420
	accacaccaa	ggggctggaa	tgcaacttcg	gcgccaagtc	caccgctctg	aaggggatct	480
	gcagagctca	gtcagagggc	agaccctgtg	aatataactc	cagaatctac	caaaacgggg	540
10	aaagtttcca	gcccactgt	aaacatcagt	gcacatgtat	tgatggcgcc	gtgggctgca	600
	ttcctctgtg	tccccaagaa	ctatctctcc	ccaacttggg	ctgtcccaac	cctcggtctg	660
	tcaaagttac	cgggcagtcg	tgcgaggagt	gggtctgtga	cgaggatagt	atcaaggacc	720
	ccatggagga	ccaggacggc	ctccttgga	aggagctggg	attcgatgcc	tccgaggtgg	780
	agttgacgag	aaacaatgaa	ttgattgcag	ttggaaaagg	cagctcactg	aagcggctcc	840
15	ctgttttttg	aatggagcct	cgcctcttat	acaacccttt	acaaggccag	aaatgtattg	900
	ttcaaacaac	ttcatggtcc	cagtgtctca	agacctgtgg	aactgggtatc	tccacacgag	960
	ttaccaatga	caaccctgag	tgccgccttg	tgaagaaac	ccggatttgt	gaggtgcggc	1020
	cttgtggaca	gccagtgtac	agcagcctga	aaaagggcaa	gaaatgcagc	aagaccaaga	1080
	aatcccccgga	accagtcagg	ttactttacg	ctggatgttt	gagtgtgaag	aaataccggc	1140
	ccaagtactg	cggttcctgc	gtggacggcc	gatgctgcac	gccccagctg	accaggactg	1200
	tgaagatgcg	gttccgctgc	gaagatgggg	agacattttc	caagaacgtc	atgatgatcc	1260
	agtccctgcaa	atgcaactac	aactgcccgc	atgccaatga	agcagcgttt	cccttctaca	1320
	ggctgttcaa	tgacattcac	aaatttaggg	actaaatgct	acctgggttt	ccagggcaca	1380
	cctagacaaa	caaggagaaa	gagtgtcaga	atcagaatca	tggagaaaat	gggcgggggt	1440
25	ggtgtgggtg	atgggactca	ttgtagaaag	gaagccttgc	tcattcttga	ggagcattaa	1500
	ggtattttcga	aactgccaa	ggtgctgggtg	cggatggaca	ctaattgcagc	cacgattgga	1560
	gaatactttg	cttcatagta	ttggagcaca	tgttactgct	tcatttttga	gcttgtggag	1620
	ttgatgactt	tctgttttct	gtttgtaaat	tatttgctaa	gcataatttc	tctaggcttt	1680
	tttccttttg	gggttctaca	gtcgtaaaag	agataataag	attagttgga	cagtttaaag	1740
30	ctttttattcg	tcctttgaca	aaagtaaatg	ggagggcatt	ccatcccttc	ctgaaggggg	1800
	acactccatg	agtgtctgtg	agaggcagct	atctgcactc	taaaactgcaa	acagaaatca	1860
	ggtgttttaa	gactgaatgt	tttattttatc	aaaatgtagc	ttttggggag	ggaggggaaa	1920
	tgtaatactg	gaataatttg	taaatgattt	taattttata	ttcagtgaag	agattttatt	1980
	tatggaatta	accatttaaat	aaagaaatat	ttaccttaata	tctgagtgtg	tgccattcgg	2040
35	tattttttaga	ggtgctccaa	agtcattagg	aacaacctag	ctcacgtact	caattattca	2100
	aacaggactt	attgggatac	agcagtgaat	taagctatta	aaataagata	atgattgctt	2160
	ttataccttc	agtagagaaa	agtctttgca	tataaagtaa	tgtttaaaaa	acatgtattg	2220
	aacacgacat	tgtatgaagc	acaataaaga	ttctgaagct	aaaaaaaaaa		

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1636 Basenpaare

45 (B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

~~(iii) ANTI-SENSE: NEIN~~

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56:

20

```

cttgaatgaa gctgacacca agaaccgcgg gaagagcttg ggcccaaagc aggaaagggga 60
agcgctcgag ttggaaagga accgctgctg ctggccgaac tcaagcccgg gcgccccccac 120
cagtttgatt ggaagtccag ctgtgaaacc tggagcgtcg ctttctcccc agatggctcc 180
tggtttgctt ggtctcaagg acaactgcac gtcaaactga tccccctggc gttggaggag 240
cagttcatcc ctaaagggtt tgaagccaaa agccgaagta gcaaaaatga gacgaaaggg 300
cggggcagcc caaaagagaa gacgctggac tgtggtcaga ttgtctgggg gctggccttc 360
agcccgtggc cttccccacc cagcaggaag ctctgggcac gccaccaccc ccaagtgcc 420
gatgtctctt gcctggttct tgctacggga ctcaacgatg ggcagatcaa gatctgggag 480
gtgcagacag ggctcctgct tttgaatctt tccggccacc aagatgtcgt gagagatctg 540
agcttcacac ccagtggcag tttgattttg gtctccgcgt cacgggataa gactcttcgc 600
atctgggacc tgaataaaca cggtaaacag attcaagtgt tatcgggcca cctgcagtgg 660
gtttactgct gttccatctc cccagactgc agcatgctgt gctctgcagc tggagagaag 720
tcggtctttc tatggagcat gaggtcctac acgttaattc ggaagctaga gggccatcaa 780
agcagtgttg tctcttgatg cttctcccc gactctgccc tgcttgtcac ggcttcttac 840
gataccaatg tgattatgtg ggacccttac accggcgaaa ggctgaggtc actccaccac 900
acccaggttg accccgccat ggatgacagt gacgtccaca ttagctcact gagatctgtg 960
tgcttctctc cagaaggctt gtaccttgcc acggtggcag atgacagact cctcaggatc 1020
tgggcccttg aactgaaaac tcccattgca tttgctccta tgaccaatgg gctttgctgc 1080
acattttttc cacatggttg agtcattgcc acagggacaa gagatggcca cgtccagttc 1140
tggacagctc ctagggtcct gtcctcactg aagcacttat gccggaaagc ctttcgaagt 1200
ttcctaaciaa cttaccaagt cctagcactg ccaatcccca agaaaatgaa agagttcctc 1260
acatacagga ctttttaagc aacaccacat cttgtgcttc tttgtagcag ggtaaactcg 1320
cctgtcaaag ggagttgctg gaataatggg ccaaacatct ggtcttgcat tgaaatagca 1380
tttctttggg attgtgaata gaatgtagca aaaccagatt ccagtgtaca taaaagaatt 1440
tttttgtctt taaatagata caaatgtcta tcaactttaa tcaagttgta acttatattg 1500
aagacaattt gatacataat aaaaaattat gacaatgtcc tgggaaaaaa aaaatgtaga 1560

```

40

aagatggtga aggggtgggat ggatgaggag cgtggtgacg ggggcctgca gcggttggg 1620
gaccctgtgc tgcgtt

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 460 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

10 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 57:

30

ccatgtgtgt atgagagaga gagagattgg gagggagagg gagctcacta gcgcatatgt 60
gcctccaggg ggctgcagat gtgtctgagg gtgagcctgg tgaaagagaa gacaaaagaa 120
tggaatgagc taaagcagcc gcctgggggtg ggaggccgag cccatttgta tgcagcaggg 180
ggcaggagcc cagcaagggg gcctccattc ccaggactct ggaggaggct gagaccatcc 240
35 atgcccgcag agccctccct cacactccat cctgtccagc cctaattgtg caggtgggga 300
aactgaggct gggaagtcac atagcaagtg actggcagag ctgggactgg aacccaacca 360

gcctcctaga ccacggttct tcccatcaat ggaatgctag agactccagc caggtgggta 420
 ccgagctcga attcgtaatc atggcatag ctgtttctg

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

(i) SEQUENZ-CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1049 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

10 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNAs

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58:

30

atctgatcaa gaatacctgc cctggtcact ctgcggatgt ttctgtccac ttgttcacat 60
 tgaggaccaa gatatacctt ttacagagg cacttggtcg gtctaacaca gacacctcca 120
 tgacgacatg ctggctcaca ttttgagtt ctgcagaagt cccctccca gcctggacta 180
 cagcagcact ttcccgtggg ggtgcagtag ccgtttcgac agagcctgga gcactctgaa 240
 35 gtcagtgtct gtgcaggttg taccgtggct ctgcattcct caggcattaa aggtcttttg 300
 ggatctacaa tttttagtag ttttccattg tgagtctggg tcatactttt actgcttgat 360

```

aaaatgtaaa cttcacctag ttcattcttct ccaaattccca agatgtgacc ggaaaagtag 420
cctctacagg acccactagt gccgacacag agtgggtttt cttgccactg ctttgtcaca 480
ggacttttgct ggagagtttag gaaattccca ttacgatctc caaacacgta gcttccatac 540
aatcttttctg actggcagcc cgggtataca aatccacca ccaaaggacc attactgaat 600
5 ggcttgaatt ctaaaagtga tggctcactt tcataatctt tcccctttat tatctgtaga 660
attctggctg atgatctggt ttttccattg gagtctgaac acagtatcgt taaattgatg 720
tttatatcag tgggatgtct atccacagca catctgcctg gatcgtggag cccatgagca 780
aacacttcgg ggggctggtt ggtgctggtg aagtgtgggt tgctccttgg tatggaataa 840
ggcacgttgc acatgtctgt gtccacatcc agccgtagca ctgagcctgt gaaatcactt 900
10 aacccatcca tttcttccat atcatccagt gtaatcatcc catcaccaag aatgatgtac 960
aaaaaccgt cagggccaaa gagcagttgc cctcccagat gctttctgtg gagttctgca 1020
acttcaagaa agactctggc tgttctcaa

```

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 747 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

20 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: Aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNAs

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN: Endothelzelle

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4:

	tttttcaa	at	cacatatggc	ttctttgacc	ccatcaaata	actttattca	cacaaacgtc	60
	ccttaatt	ta	caaagcctca	gtcattcata	cacattaggg	gatccacagt	gttcaaggaa	120
5	cttaaata	tata	atgtatcata	ccaacccaag	taaaccaagt	acaaaaata	ttcatataaa	180
	gttgttca	caca	cgtaggtcct	agattaccag	cttctgtgca	aaaaaaggaa	atgaagaaaa	240
	atagattt	at	taactagtat	tggaaactaa	ctttgtgcct	ggcttaaaac	ctccctcacg	300
	ctcgtctg	tc	ccacacaaat	gtttaagaag	tcactgcaat	gtactccccg	gctctgatga	360
	aaagaagc	ccc	ctggcacaaa	agattccagt	gcccctgaag	aggctccctt	cctcctgtgg	420
10	gctctcct	tag	aaaaccagcg	ggacggcctc	cctgctgata	ccgtctataa	ccttaggggg	480
	ccctcg	gggca	ggcaacggca	gtggactcat	ctcggtgatg	gctgtagatg	ctaacactgg	540
	ccaattca	aat	gccacaccta	ctgggttacc	tttgagggca	tttctccaga	cagaagcccc	600
	ttgaagc	ccta	ggtagggcag	gatcagagat	acaccctgtg	ttgtctcgaa	gggctccaca	660
	gcccagta	cgc	acatgcttgc	agaagtagta	tctctggact	tctgcctcca	gtcgaccggc	720
15	cgcgaa	ttta	gtagtaatag	cggccgc				

Patentansprüche

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
 - a) ~~eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq ID No. 1 bis Seq. ID No. 59~~
 - b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen
 - oder
 - c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
3. Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Endothelzellgewebe erhöht exprimiert sind.
4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 59, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.

6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.

5

7. ~~Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.~~

10

8. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 3000 bp aufweist.

15

9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 150 bis 2800 bp aufweist.

20

10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 150 bis 2600 bp aufweist.

25

11. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.

30

12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.

13. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 12, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.

5

- ~~14. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 12 und 13, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.~~

10

15. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 11 zur Herstellung von Vollängen-Genen.

15

16. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 15 erhältlich ist.

20

17. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 11.

25

18. Wirtszelle gemäß Anspruch 17, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.

30

19. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 17 oder 18, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.

20. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 17 bis 19 kultiviert werden.

5

- ~~21. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist,~~
welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 kodiert wird, das gemäß Anspruch 20 erhältlich ist.

10

22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 21, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.

15

23. Polypeptidsequenz, exprimiert von einer der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59.

20

24. Polypeptidsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.

25

25. Polypeptidsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.

30

26. Verwendung der Polypeptidsequenzen gemäß den Ansprüchen 23 bis 25 als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen angiogenetische Erkrankungen.

27. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen angiogenetische Erkrankungen verwendet werden können.

5

-
28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59 in sense oder antisense Form.

10

29. Verwendung der Polypeptidsequenzen gemäß den Ansprüchen 23 bis 25 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung angiogenetischer Erkrankungen.

15

30. Verwendung der Polypeptidsequenzen gemäß den Ansprüchen 23 bis 25 zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung angiogenetischer Erkrankungen.

20

31. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptidsequenz gemäß den Ansprüchen 23 bis 25.

25

32. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 11, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.

30

33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 11, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.

34. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 59.

5

- ~~35. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 34, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.~~

- 10 36. Verwendung gemäß Anspruch 35, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.

- 15 37. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 11 und der Peptide gemäß den Ansprüchen 23 bis 25, entweder alleine oder in Formulierung als Arzneimittel zur Behandlung von Psoriasis, Arthritis, wie rheumatoide Arthritis, Hämangioma, Angiofibroma, Augenerkrankungen, wie diabetische Retinopathie, Neovaskulares Glaukom, Nierenerkrankungen, wie Glomerulonephritis, diabetische Nephropatie, maligne Nephrosklerose, 20 thrombische mikroangiopatische Syndrome, Transplantationsabstoßungen und Glomerulopathie, fibrotische Erkrankungen, wie Leberzirrhose, mesangialzellproliferative Erkrankungen, Artherosklerose und Verletzungen des Nervengewebes.

Zusammenfassung

Es werden Nukleinsäure-Sequenzen -mRNA, cDNA, genomische Sequenzen- aus Gewebe menschlicher Endothelzellen, die für Genprodukte oder Teile davon

5 kodieren und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die

~~Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.~~

